

PCT

特許協力条約に基づいて公開された国際出願

<p>(51) 国際特許分類6 C12N 15/12, C07K 14/705, C12P 21/02, C07K 16/28</p>	<p>A1</p>	<p>(11) 国際公開番号 WO99/46378</p> <p>(43) 国際公開日 1999年9月16日(16.09.99)</p>
<p>(21) 国際出願番号 PCT/JP99/01191</p> <p>(22) 国際出願日 1999年3月11日(11.03.99)</p> <p>(30) 優先権データ 特願平10/60245 1998年3月12日(12.03.98) JP 特願平11/26774 1999年2月3日(03.02.99) JP</p> <p>(71) 出願人 (米国を除くすべての指定国について) 山之内製薬株式会社 (YAMANOUCHI PHARMACEUTICAL CO., LTD.)[JP/JP] 〒103-8411 東京都中央区日本橋本町二丁目3番11号 Tokyo, (JP)</p> <p>(72) 発明者 ; および (75) 発明者 / 出願人 (米国についてののみ) 松本光之(MATSUMOTO, Mitsuyuki)[JP/JP] 杉本 貫(SUGIMOTO, Toru)[JP/JP] 高崎 淳(TAKASAKI, Jun)[JP/JP] 蒲原正純(KAMOHARA, Masazumi)[JP/JP] 斉藤 哲(SAITO, Tetsu)[JP/JP] 〒305-8585 茨城県つくば市御幸が丘21 山之内製薬株式会社内 Ibaraki, (JP)</p>	<p>小林正人(KOBAYASHI, Masato)[JP/JP] 〒174-8612 東京都板橋区蓮根三丁目17番1号 山之内製薬株式会社内 Tokyo, (JP)</p> <p>(74) 代理人 弁理士 長井省三, 外(NAGAI, Shozo et al.) 〒174-8612 東京都板橋区蓮根三丁目17番1号 山之内製薬株式会社 特許部内 Tokyo, (JP)</p> <p>(81) 指定国 AE, AL, AM, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, CA, CN, CU, CZ, EE, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LV, MD, MG, MK, MN, MW, MX, NO, NZ, PL, RO, RU, SD, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZW, 欧州特許 (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE), OAPI特許 (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG), ARIPO特許 (GH, GM, KE, LS, MW, SD, SL, SZ, UG, ZW), ユーラシア特許 (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM)</p> <p>添付公開書類 国際調査報告書</p>	

(54)Title: NOVEL G PROTEIN-COUPLED RECEPTOR PROTEINS

(54)発明の名称 新規G蛋白質共役型レセプター蛋白質

(57) Abstract

Regarding the field of genetic engineering, novel G protein-coupled receptor family proteins SREB1, SREB2 and SREB3 expressed in the central nervous system; genes encoding these proteins; and a screening method, etc., with the use of these proteins. An example of methods for acquiring such a G protein-coupled receptor protein as described above comprises effecting RT-PCR with the use of mRNA extracted from a human or rat brain tissue or cells originating in the brain as a template by employing two primers between which the whole translational region of the G protein-coupled receptor protein or a part thereof is sandwiched to thereby obtain cDNA of the G protein-coupled receptor protein or a part thereof and then integrating the cDNA into an appropriate vector followed by the expression thereof in host cells.

(57)要約

本発明は遺伝子工学の分野に属し、中枢神経系に発現している新規なG蛋白質共役型レセプターファミリー蛋白質SREB1、SREB2およびSREB3、該蛋白質をコードする遺伝子、並びに、該蛋白質を用いたスクリーニング法等を提供する。

本発明G蛋白質共役型レセプター蛋白質の取得方法の一つとして、ヒトまたはラット脳組織あるいは脳由来細胞から抽出されたmRNAを鋳型として、該G蛋白質共役型レセプター蛋白質翻訳領域の全体または一部をはさむ2種類のプライマーを用い、RT-PCRを行うことにより、該G蛋白質共役型レセプター蛋白質cDNAまたはその一部を得、該cDNAを適当な発現ベクターに組み込み、宿主細胞で発現させる方法が挙げられる。

PCTに基づいて公開される国際出願のパンフレット第一頁に掲載されたPCT加盟国を同定するために使用されるコード(参考情報)

AE アラブ首長国連邦
AL アルバニア
AM アルメニア
AT オーストリア
AU オーストラリア
AZ アゼルバイジャン
BA ボスニア・ヘルツェゴビナ
BB バルバドス
BE ベルギー
BF ブルキナ・ファソ
BG ブルガリア
BJ ベナン
BR ブラジル
BY ベラルーシ
CA カナダ
CF 中央アフリカ
CG コンゴ
CH スイス
CI コートジボアール
CM カメルーン
CN 中国
CR コスタ・リカ
CU キューバ
CY キプロス
CZ チェッコ

DM ドミニカ
EE エストニア
ES スペイン
FI フィンランド
FR フランス
GA ガボン
GB 英国
GD グレナダ
GE グルジア
GH ガーナ
GM ガンビア
GN ギニア
GW ギニア・ビサウ
GR ギリシャ
HR クロアチア
HU ハンガリー
ID インドネシア
IE アイルランド
IL イスラエル
IN インド
IS アイスランド
IT イタリア
JP 日本
KE ケニア
KG キルギスタ

KZ カザフスタン
LC セントルシア
LI リヒテンシュタイン
LK スリ・ランカ
LR リベリア
LS レント
LT リトアニア
LU リルクセンブルグ
LV ラトヴィア
MC モナコ
MD モルドヴァ
MG マダガスカル
MK マケドニア旧ユーゴスラヴィア
共和国
ML マリ
MN モンゴル
MR モーリタニア
MW マラウイ
MX メキシコ
NE ニジェール
NL オランダ
NO ノールウェー
NZ ニュー・ジージーランド
PL ポーランド

SD スーダン
SE スウェーデン
SG シンガポール
SI スロヴェニア
SK スロヴァキア
SL シエラ・レオネ
SN セネガル
SZ スワジランド
TD チャード
TG トーゴ
TJ タジキスタン
TZ タンザニア
TM トルクメニスタン
TR トルコ
TT トリニダード・トバゴ
UA ウクライナ
UG ウガンダ
US 米国
UZ ウズベキスタン
VN ヴィエトナム
YU ユーゴスラビア
ZA 南アフリカ共和国
ZW ジンバブエ

明 細 書

新規G蛋白質共役型レセプター蛋白質

技術分野

本発明は、遺伝子工学の分野に属し、新規G蛋白質共役型レセプター蛋白質、該G蛋白質共役型レセプター蛋白質をコードする遺伝子、該G蛋白質共役型レセプター蛋白質の製造方法、該G蛋白質共役型レセプター蛋白質を用いたスクリーニング法、該G蛋白質共役型レセプター蛋白質に対する抗体、該抗体を用いたスクリーニング法に関するものである。

背景技術

三量体型 GTP 結合蛋白質の活性化を介して細胞内にシグナルを伝達する細胞膜レセプター群は「G蛋白質共役型レセプター」と総称されている。現在まで知られている全てのG蛋白質共役型レセプターはアミノ末端を細胞外、カルボキシル末端を細胞内とし、細胞膜を7回貫通する構造を共有するスーパーファミリーを形成していることから「7回膜貫通型レセプター」と総称される場合もある。G蛋白質共役型レセプターは様々な生理活性物質の情報を、三量体型 GTP 結合蛋白質の活性化、それにより引き起こされる細胞内セカンドメッセンジャーの変動を介して細胞膜から細胞内へと伝達する。三量体型 GTP 結合蛋白質により制御される細胞内セカンドメッセンジャーは、アデニレートシクラーゼを介する cAMP、フォスホオリパーゼ C を介する Ca^{2+} などがよく知られているが、三量体型 GTP 結合蛋白質を介したチャネルの制御、リン酸化酵素の活性化など多くの細胞蛋白がその標的となっていることが最近明らかとなってきた(Gudermann, T. et al. (1997) Annu. Rev. Neurosci., 20, 399-427)。G蛋白質共役型レセプターを介して情報を伝達する生理活性物質の中には、神経伝達物質、ホルモン、ケモカイン、脂質由来の情報伝達物質、2 価イオ

ン、プロテアーゼなど既存の生理活性物質の多くが含まれる。これら生理活性物質にはそれぞれ特異的なG蛋白質共役型レセプターが存在し、その情報を細胞内に伝達する。

現在までに数百種類のG蛋白質共役型レセプターが真核生物からクローニングされている。ヒトに関しては百種類以上の内在性リガンドとの対応がとれたG蛋白質共役型レセプターがクローニングされており、これらが疾患に対する薬剤の標的となっている。G蛋白質共役型レセプターが標的となっている疾患は多岐にわたり、中枢神経系、循環器系、炎症免疫系、消化器系、運動器系、泌尿器生殖器系それぞれの分野でG蛋白質共役型レセプターに作用する有効な薬剤が存在する(Stadel, J. et al. (1997) Trends Pharmacol. Sci., 18, 430-437)。このことはG蛋白質共役型レセプターのアゴニスト或いはアンタゴニストが疾患の治療剤となる可能性が高いことを示唆し、そのため新たなG蛋白質共役型レセプターの発見、同定のための研究が盛んに行われている。

G蛋白質共役型レセプターはそのスーパーファミリー内での構造類似性から遺伝子のクローニングが先行する場合も多く、内在性リガンドとの対応がとれていないレセプターはオーファンG蛋白質共役型レセプターと呼ばれている。一般的にオーファンG蛋白質共役型レセプターは特異的なリガンドが発見されていないため、そのアゴニスト、アンタゴニストを開発することは困難であった。しかし、近年、充実された化合物ライブラリーと高性能ハイスループットスクリーニングを組み合わせることで、オーファンG蛋白質共役型レセプターをターゲットとした薬剤の創製が提唱されている(Stadel, J. et al. (1997) Trends Pharmacol. Sci., 18, 430-437)。

すなわち、多くのG蛋白質共役型レセプターのセカンドメッセンジャーとなっているcAMP、 Ca^{2+} の測定、或いは、三量体型 GTP 結合蛋白質の活性化の指標となる GTPase 活性、GTP γ S のG蛋白質結合測定をハイスループット化することで化合物ライブラリーからオーファンG蛋白質共役型レセプターに対するアゴニストをスクリーニングすることが可能であり、その化合物を利用した特異的なアゴニスト及びアンタゴニストの発見、ひいては特定の疾患治療薬の開発が可能であるということである。このような状況下では、新しい疾患

の治療ターゲットとなり得る新規G蛋白質共役型レセプターの発見が、G蛋白質共役型レセプターに作用する薬剤創製の最も重要なステップと見なすことができる。

G蛋白質共役型レセプターでは、一つの内在性リガンドに対して複数のレセプターが存在する場合がある。このようなレセプター群はレセプターファミリーとよばれ、各々のレセプターはサブタイプと称される。全てのG蛋白質共役型レセプターは細胞膜を7回貫通する構造を共有するため、互いに独立したG蛋白質共役型レセプターでも膜貫通領域を中心に20-25%のアミノ酸が保存されているが、レセプターファミリーを形成している場合にはそのサブタイプ間で保存されているアミノ酸の割合が35%以上、特に関連が高いサブタイプ間では60-80%と有意に上昇する(Strader, C.D. et al. (1994) Annu. Rev. Biochem., 63, 101-132)。

レセプターファミリーが存在する内在性リガンドをターゲットとした疾患治療薬の開発を考える際には、サブタイプの特異性が重要となる場合が多い。通常、薬剤の主作用を介するサブタイプへの作用に対して、他のサブタイプへの作用は副作用につながることも多いためである。このためサブタイプ特異的なアゴニスト、或いはアンタゴニストの創製が望まれるが、そのためにはサブタイプの特異性を検出する手段が必要である。現在ではサブタイプの遺伝子をクローニングし、それを発現させた培養細胞系などを用いて特異性を検出する系を構築するという方法が一般的である。

新規なG蛋白質共役型レセプターを疾患治療のターゲットとする場合にもサブタイプ特異性が重要である可能性は高く、このため新規G蛋白質共役型レセプターにおいてもレセプターファミリーの発見は重要である。独立したG蛋白質共役型レセプター間ではアミノ酸配列のホモロジーは全体で20-25%であるが、レセプターファミリーを形成している場合、ファミリー内では通常ホモロジーが有意に上昇することから、二者のG蛋白質共役型レセプターのホモロジーを比較することで、それらがファミリーを形成しているかどうか推定することが可能である。これを利用することでファミリーを形成している新規G蛋白質共役型レセプターの発見も可能であり、新規G蛋白質共役型レセプターファミリーが発見された場

合は、サブタイプ特異的なアゴニスト及びアンタゴニストの創製が可能なことから疾患治療薬への道が更に拓けるものと考えられる。

中枢神経系は神経伝達物質に代表される生理活性物質を用いて様々な情報を伝達、制御している。その情報伝達および制御にG蛋白質共役型レセプターが重要な役割を果たしている。多くの種類のG蛋白質共役型レセプターが中枢神経系に存在しているため、それらは中枢神経系の疾患の重要な治療ターゲットとなっている。例えば、神経伝達物質ドーパミンのG蛋白質共役型レセプターは精神分裂病(Seeman, P. et al. (1997) Neuropsychopharmacology, 16, 93-110)、セロトニンのG蛋白質共役型レセプターは鬱病(Cowen, P. J. (1991) Br. J. Psychiatry, 159 (Suppl. 12), 7-14)、ニューロペプチドYのG蛋白質共役型レセプターは摂食障害(Blomqvist, A. G. and Herzog, H. (1997) Trends Neurosci., 20, 294-298)の治療ターゲットであると考えられている。

中枢神経系で発現している新規なG蛋白質共役型レセプター、好ましくはヒト由来のレセプターは新たな中枢神経系の疾患の治療ターゲットの候補または中枢神経系の機能解明に繋がると考えられる。また、サブタイプ特異的な薬剤を開発するためには中枢神経系で発現している新規なG蛋白質共役型レセプターにおいてもファミリーを発見することが望ましい。本発明G蛋白質共役型レセプターの一つ SREB1 のアミノ酸配列に対してホモロジーが高いマウスから得られたレセプター GPR27 の遺伝子と、その遺伝子配列に基づくアミノ酸配列が報告されている(O' Dowd, B.F. et al. (1998) Genomics, 47, 310-313)が、ヒト由来のレセプターの遺伝子配列、アミノ酸配列は現時点では知られていない。

発明の開示

本発明は、中枢神経系に発現している新規G蛋白質共役型レセプターファミリー蛋白質を中枢性疾患の治療薬剤の標的として提供することを課題とする。

本発明者らは、上記課題を解決するために鋭意研究を重ねた結果、中枢神経系に発現している新規G蛋白質共役型レセプター蛋白質ファミリーをコードする遺伝子(SREB1、SREB2、SREB3、rSREB1、rSREB2、rSREB3)を単離することに成功した。

また、該遺伝子を含むベクター、該ベクターを含む宿主細胞、該宿主細胞を用いた同G蛋白質共役型レセプター蛋白質の製造法を確立、該G蛋白質共役型レセプター蛋白質及び該G蛋白質共役型レセプター蛋白質活性を修飾する化合物、ペプチド及び抗体のスクリーニングを可能とした。

具体的には本発明は、

(1) 配列番号:2、4、6、22、または26記載のアミノ酸配列を有しているG蛋白質共役型レセプター蛋白質、あるいは、該蛋白質の同効物であるG蛋白質共役型レセプター蛋白質、

好ましくは配列番号:2、4または6記載のアミノ酸配列を有しているヒト由来G蛋白質共役型レセプター蛋白質あるいは該蛋白質の同効物であるG蛋白質共役型レセプター蛋白質もしくは6、22または26記載のアミノ酸配列を有しているラット由来G蛋白質共役型レセプター蛋白質あるいは該蛋白質の同効物であるG蛋白質共役型レセプター蛋白質であり、

(2) 配列番号:2、4、6、22、または26記載のアミノ酸配列を有するG蛋白質共役型レセプター蛋白質、

(3) 前記(1)に記載のG蛋白質共役型レセプター蛋白質をコードする塩基配列を有する遺伝子、

(4) 前記(3)記載の遺伝子を含むベクター、

(5) 前記(4)記載のベクターを含む宿主細胞、

(6) 前記(5)記載の宿主細胞を用いる前記(1)または(2)記載のG蛋白質共役型レセプター蛋白質、あるいは、該蛋白質の同効物であるG蛋白質共役型レセプター蛋白質の製造方法、

(7) 前記(1)または(2)記載のG蛋白質共役型レセプター蛋白質と被験化合物とを接触させ、当該G蛋白質共役型レセプター蛋白質作用薬をスクリーニングする方法、または

(8) 前記(1)または(2)記載のG蛋白質共役型レセプター蛋白質またはその部分ペプチドに対する抗体に関する。

以下、本発明で使用される用語につき説明する。

「ヒト由来」または「ラット由来」とは、ヒトまたはラットで発現しているG蛋白質共役型レセプター蛋白質のアミノ酸配列と同一のアミノ酸配列であることをいう。

本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質の「同効物」とは、配列番号:2、4、6、22、または26記載のアミノ酸配列で示されるG蛋白質共役型レセプター蛋白質のいずれかと同一の活性を示す、中枢神経系に発現しているG蛋白質共役型レセプター蛋白質をいう。

なお、G蛋白質共役型レセプターとG蛋白質共役型レセプター蛋白質は、同義である。

本発明の新規G蛋白質共役型レセプター蛋白質は、配列番号:2、4、6、22、または26記載のアミノ酸配列で示されるG蛋白質共役型レセプター蛋白質、あるいは、それらの同効物なら何れでもよい。具体的には配列番号:2、4、6、22、または26記載のアミノ酸配列、あるいは、配列番号:2、4、6、22、または26記載のアミノ酸配列において1もしくは複数個、好ましくは1乃至10個、更に好ましくは1乃至7個、特に好ましくは1乃至5個のアミノ酸でアミノ酸の置換、欠失または挿入があるアミノ酸配列を有し、かつ、配列番号:2、4、または6記載のアミノ酸配列で示される蛋白質と同一の活性を有するG蛋白質共役型レセプター蛋白質であれば本発明に包含される。好ましくは、ヒト由来又はラット由来の配列番号:2、4、6、22、または26記載のアミノ酸配列を有するG蛋白質共役型レセプター蛋白質である。

また、本発明の新規G蛋白質共役型レセプター蛋白質をコードする塩基配列を有する遺伝子は、配列番号:2、4、または6記載のアミノ酸配列で示されるG蛋白質共役型レセプター蛋白質、あるいは、それらの同効物をコードする塩基配列を有する遺伝子なら何れ

でもよい。好ましくは、配列番号:2、4、6、22、または26記載のアミノ酸配列をコードする塩基配列を有する遺伝子である。さらに好ましくは、配列番号:1記載の塩基配列の1番目から1125番目、配列番号:3記載の塩基配列の1番目から1110番目、配列番号:5記載の塩基配列の1番目から1119番目、配列番号:21記載の塩基配列の1番目から1131番目、配列番号:23記載の塩基配列の1番目から1110番目、又は配列番号:25記載の1番目から1119番目を有する遺伝子である。

本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質をコードする遺伝子は、以下の方法によって得ることができる。

1)新規G蛋白質共役型レセプター遺伝子の製造方法

a)第1製造法

本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質を産生する能力を有するヒト細胞あるいは組織から mRNA を抽出する。次いでこの mRNA を鋳型として該G蛋白質共役型レセプター蛋白質 mRNA または一部の mRNA 領域をはさんだ2種類のプライマーを作製する。denature 温度、変性剤添加条件などを改良し、SREB1、SREB2、または SREB3 のそれぞれに適した逆転写酵素-ポリメラーゼ連鎖反応(以下 RT-PCR という)を行うことにより、該G蛋白質共役型レセプター蛋白質 cDNA またはその一部を得ることができる。さらに、得られたG蛋白質共役型レセプターcDNA またはその一部を適当な発現ベクターに組み込むことにより、宿主細胞で発現させ、該レセプター蛋白質を製造することができる。

まず、本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質の産生能力を有する細胞あるいは組織、例えばヒト脳またはラット脳から該蛋白質をコードするものを包含する mRNA を既知の方法により抽出する。抽出法としては、グアニジン・チオシアネート・ホット・フェノール法、グアニジン・チオシアネート-グアニジン・塩酸法等が挙げられるが、好ましくはグアニジン・チオシアネート塩化セシウム法が挙げられる。該蛋白質の産生能力を有する細胞あるいは組織は、該蛋白質をコードする塩基配列を有する遺伝子あるいはその一部を用いたノーザン ブロットリング法、該蛋白質に特異的な抗体を用いたウエスタン ブロットリング法などにより特定することができる。

mRNA の精製は常法に従えばよく、例えば mRNA をオリゴ(dT)セルロースカラムに吸着・溶出させ、精製することができる。さらに、ショ糖密度勾配遠心法等により mRNA をさらに分画することもできる。また、mRNA を抽出せずとも、市販されている抽出済 mRNA を用いても良い。

次に、精製された mRNA をランダムプライマー又はオリゴdTプライマーの存在下で、逆転写酵素反応を行い第1鎖 cDNA を合成する。この合成は常法によって行うことができる。得られた第1鎖 cDNA を用い、目的遺伝子の一部の領域をはさんだ2種類のプライマーを用いて PCR に供し、目的とする新規G蛋白質共役型レセプターDNA を増幅する。得られた DNA をアガロースゲル電気泳動等により分画する。所望により、上記 DNA を制限酵素等で切断し、接続することによって目的とする DNA 断片を得ることもできる。

b) 第2製造法

本発明の遺伝子は上述の製造法その他、常法の遺伝子工学的手法を用いて製造することもできる。まず、前述の方法で得た mRNA を鋳型として逆転写酵素を用いて1本鎖 cDNA を合成した後、この1本鎖 cDNA から2本鎖 cDNA を合成する。その方法としてはS1ヌクレアーゼ法(Efstratiadis, A. et al. (1976) Cell, 7, 279-288)、Land 法(Land, H. et al. (1981) Nucleic Acids Res., 9, 2251-2266)、O. Joon Yoo 法(Yoo, O. J. et al. (1983) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 79, 1049-1053)、Okayama-Berg 法(Okayama, H. and Berg, P. (1982) Mol. Cell. Biol., 2, 161-170)などが挙げられる。

次に、上述の方法で得られる組換えプラスミドを大腸菌、例えば DH5 α 株に導入して形質転換させて、テトラサイクリン耐性あるいはアンピシリン耐性を指標として組換え体を選択することができる。宿主細胞の形質転換は、例えば、宿主細胞が大腸菌の場合には Hanahan の方法(Hanahan, D. (1983) J. Mol. Biol., 166, 557-580)、すなわち CaCl_2 や MgCl_2 または RbCl を共存させて調製したコンピテント細胞に該組換え DNA 体を加える方法により実施することができる。なお、ベクターとしてはプラスミド以外にもラムダ系などのファージベクターも用いることができる。

上記により得られる形質転換株から、目的の新規G蛋白質共役型レセプター蛋白質のDNAを有する株を選択する方法としては、例えば以下に示す各種方法を採用できる。

① 合成オリゴヌクレオチドプローブを用いるスクリーニング法

本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質の全部または一部に対応するオリゴヌクレオチドを合成し(この場合コドン使用頻度を用いて導いたヌクレオチド配列または考えられるヌクレオチド配列を組合せた複数個のヌクレオチド配列のどちらでもよく、また後者の場合、イノシンを含ませてその種類を減らすこともできる)、これをプローブ(^{32}P 又は ^{33}P で標識する)として、形質転換株のDNAを変性固定したニトロセルロースフィルターとハイブリダイズさせ、得られたポジティブ株を検索して、これを選択する。

② ポリメラーゼ連鎖反応により作製したプローブを用いるスクリーニング法

本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質の一部に対応するセンスプライマーとアンチセンスプライマーのオリゴヌクレオチドを合成し、これらを組合せてポリメラーゼ連鎖反応(Saiki, R. K. et al. (1988) Science 239, 487-491)を行い、目的のG蛋白質共役型レセプター蛋白質の全部又は一部をコードするDNA断片を増幅する。ここで用いる鋳型DNAとしては、該G蛋白質共役型レセプター蛋白質を産生する細胞のmRNAより逆転写反応にて合成したcDNA、またはゲノムDNAを用いることができる。このようにして調製したDNAを断片を ^{32}P 又は ^{33}P で標識し、これをプローブとして用いてコロニーハイブリダイゼーションまたはブランクハイブリダイゼーションを行うことにより目的のクローンを選択する。

③ 他の動物細胞で新規G蛋白質共役型レセプター蛋白質を産生させてスクリーニングする方法

形質転換株を培養し、遺伝子を増幅させ、その遺伝子を動物細胞にトランスフェクトし(この場合、自己複製可能で転写プロモーター領域を含むプラスミドもしくは動物細胞の染色体に組み込まれ得るようなプラスミドのいずれでもよい)、遺伝子にコードされた蛋白を細胞表面に産生させる。本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質に対する抗体を用

いて該蛋白質を検出することにより、元の形質転換株より目的のG蛋白質共役型レセプター蛋白質をコードする cDNA を有する株を選択する。

④ 本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質に対する抗体を用いて選択する方法

あらかじめ、cDNA を発現ベクターに組込み、形質転換株表面で蛋白を産生させ、本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質に対する抗体および該抗体に対する2次抗体を用いて、所望のG蛋白質共役型レセプター蛋白質産生株を検出し、目的の株を選択する。

⑤ セレクティブ・ハイブリダイゼーション・トランスレーションの系を用いる方法

形質転換株から得られる cDNA を、ニトロセルロースフィルター等にブロットし本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質産生細胞からの mRNA をハイブリダイズさせた後、cDNA に結合した mRNA を解離させ、回収する。回収された mRNA を蛋白翻訳系、例えばアフリカツメガエルの卵母細胞への注入や、ウサギ網状赤血球ライゼートや小麦胚芽等の無細胞系で蛋白に翻訳させる。本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質に対する抗体を用いて検出して、目的の株を選択する。

得られた目的の形質転換株より本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質をコードする DNA を採取する方法は、公知の方法(Maniatis, T. et al.(1982): "Molecular Cloning-A Laboratory Manual" Cold Spring Harbor Laboratory, NY)に従い実施できる。例えば細胞よりプラスミド DNA に相当する画分を分離し、該プラスミド DNA より cDNA 領域を切り出すことにより行ない得る。

c) 第3製造法

配列番号: 2、4、6、22、または26で表されるアミノ酸配列をコードする塩基配列を有する遺伝子は、化学合成法によって製造した DNA 断片を結合することによっても製造できる。各 DNA は、DNA 合成機(例えば、Oligo 1000M DNA Synthesizer(Beckman 社)、あるいは、394 DNA/RNA Synthesizer (Applied Biosystems 社)など)を用いて合成することができる。

d) 第4製造法

本発明の遺伝子を利用して遺伝子工学的手法により得られる物質が本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質機能を発現するためには、必ずしも配列表 配列番号:2、4、6、22、または26に示されるアミノ酸配列のすべてを有するものである必要は無く、例えばその一部の配列であっても、あるいは他のアミノ酸配列が付加されていても、それが配列番号:2、4、6、22、または26に示されるアミノ酸配列で示されるG蛋白質共役型レセプター蛋白質と同一の活性を示す限り、それらの蛋白質もまた本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質に包含される。また、一般に真核生物の遺伝子はインターフェロン遺伝子等で知られているように、多型現象(polymorphism)を示すと考えられ(例えば、Nishi, T. et al. (1985) J. Biochem., 97, 153-159 を参照)、この多型現象によって1または複数個のアミノ酸が置換される場合もあれば、ヌクレオチド配列の変化はあってもアミノ酸は全く変わらない場合もある。したがって、配列番号:2、4、または6で示されるアミノ酸配列の中の1もしくは複数個の部位において、1もしくは複数個のアミノ酸残基が置換、失欠、または挿入されている蛋白質でも配列番号:2、4、または6記載のアミノ酸配列で示されるG蛋白質共役型レセプターと同一の活性を有していることがありえる。これらの蛋白質は、本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質の同効物と呼び、本発明に含まれる。また、配列番号:22、24、または26で示されるラット由来アミノ酸配列を有するG蛋白質共役型レセプター、または当該レセプターと同一の活性を有しているG蛋白質共役型レセプターも同効物に包含される。

これらの本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質の同効物をコードする塩基配列を有する遺伝子はすべて本発明に含まれる。このような各種の本発明の遺伝子は、上記本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質の情報に基づいて、例えばホスファイト・トリエステル法(Hunkapiller, M. et al.(1984) Nature, 10, 105-111)等の常法に従い、核酸の化学合成により製造することもできる。なお、所望アミノ酸に対するコドンはそれ自体公知であり、その選択も任意でよく、例えば利用する宿主のコドン使用頻度を考慮して常法に従い決定できる(Crantham, R. et al.(1981) Nucleic Acids Res.,9 r43-r74)。さらに、これら塩基配列のコドンの一部改変は、常法に従い、所望の改変をコードする合成オリゴヌクレオチドからなるプライマーを利用したサイトスペシフィック・ミュータジェネシス(site specific

mutagenesis)(Mark, D. F. et al. (1984) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 81, 5662-5666)等に従うことができる。

以上、a)乃至d)により得られる DNA の配列決定は、例えばマキシムーギルバートの化学修飾法(Maxam, A. M. and Gilbert, W. (1980): "Methods in Enzymology" 65, 499-559)や M13を用いるジデオキシヌクレオチド鎖終結法(Messing, J. and Vieira, J (1982) Gene, 19, 269-276)等により行うことができる。

また、本発明のベクター、本発明の宿主細胞、本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質は、下記の方法によって得ることができる。

2) 本発明のG蛋白質共役型レセプターの組み換え蛋白質の製造方法

単離された本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質をコードする遺伝子を含む断片は、適当なベクターDNA に再び組込むことにより、他の真核生物の宿主細胞を形質転換させることができる。さらに、これらのベクターに適当なプロモーターおよび形質発現にかかわる配列を導入することにより、それぞれの宿主細胞において遺伝子を発現させることが可能である。

真核生物の宿主細胞には、脊椎動物、昆虫、酵母等の細胞が含まれ、脊椎動物細胞としては、例えばサルの細胞である COS 細胞(Gluzman, Y. (1981) Cell, 23, 175-182)やチャイニーズ・ハムスター卵巣細胞(CHO)のジヒドロ葉酸レダクターゼ欠損株(Urlaub, G. and Chasin, L. A.(1980) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 77, 4216-4220)、ヒト胎児腎臓由来 HEK293 細胞および同細胞に Epstein Barr Virus の EBNA-1 遺伝子を導入した 293-EBNA 細胞 (Invitrogen 社)等がよく用いられているが、これらに限定されるわけではない。

脊椎動物細胞の発現ベクターとしては、通常発現しようとする遺伝子上流に位置するプロモーター、RNAのスプライス部位、ポリアデニル化部位および転写終結配列等を有するものを使用でき、これはさらに必要により複製起点を有してもよい。該発現ベクターの例としては、SV40の初期プロモーターを有する pSV2dhfr (Subramani, S. et al. (1981) Mol. Cell. Biol., 1, 854-864)、ヒトの elongation factor プロモーターを有する pEF-BOS

(Mizushima, S. and Nagata, S. (1990) *Nucleic Acids Res.*, 18, 5322), cytomegalovirus プロモーターを有する pCEP4(Invitrogen 社)等を例示できるが、これに限定されない。

宿主細胞として、COS 細胞を用いる場合を例に挙げると、発現ベクターとしては、SV40 複製起点を有し、COS 細胞において自律増殖が可能であり、さらに転写プロモーター、転写終結シグナルおよび RNA スプライス部位を備えたものを用いることができ、例えば、pME18S、(Maruyama, K. and Takebe, Y. (1990) *Med. Immunol.*, 20, 27-32)、pEF-BOS (Mizushima, S. and Nagata, S. (1990) *Nucleic Acids Res.*, 18, 5322)、pCDM8(Seed, B. (1987) *Nature*, 329, 840-842) 等が挙げられる。該発現ベクターは DEAE-デキストラン法 (Luthman, H. and Magnusson, G. (1983) *Nucleic Acids Res.*, 11, 1295-1308)、リン酸カルシウム-DNA 共沈殿法(Graham, F. L. and van der Ed, A. J. (1973) *Virology*, 52, 456-457)、FuGENE6(Boeringer Mannheim 社)を用いた方法、および電気パルス穿孔法(Neumann, E. et al.(1982) *EMBO J.*, 1, 841-845)等により COS 細胞に取り込ませることができ、かくして所望の形質転換細胞を得ることができる。

また、宿主細胞として CHO 細胞を用いる場合には、発現ベクターと共に、G418 耐性マーカーとして機能する neo 遺伝子を発現し得るベクター、例えば pRSVneo(Sambrook, J. et al. (1989): "Molecular Cloning-A Laboratory Manual" Cold Spring Harbor Laboratory, NY)や pSV2-neo(Southern, P. J. and Berg, P. (1982) *J. Mol. Appl. Genet.*, 1, 327-341)等をコトランスフェクトし、G418 耐性のコロニーを選択することにより新規 G 蛋白質共役型レセプター蛋白質を安定に産生する形質転換細胞を得ることができる。また、宿主細胞として 293-EBNA 細胞を用いる場合には、Epstein Barr Virus の複製起点を有し、293-EBNA 細胞で自己増殖が可能な pCEP4(Invitrogen 社)などの発現ベクターを用いて所望の形質転換細胞を得ることができる。

上記で得られる所望の形質転換体は、常法に従い培養することができ、該培養により細胞内または細胞表面に本発明の G 蛋白質共役型レセプター蛋白質が生産される。該培養に用いられる培地としては、採用した宿主細胞に応じて慣用される各種のものを適宜選択でき、例えば上記 COS 細胞であれば RPMI-1640 培地やダルベッコ修正イーグル

最小必須培地(DMEM)等の培地に必要に応じ牛胎児血清(FBS)等の血清成分を添加したものを使用できる。また、上記 293-EBNA 細胞であれば牛胎児血清(FBS)等の血清成分を添加したダルベッコ修正イーグル最小必須培地(DMEM)等の培地に G418 を加えたものを使用できる。

上記により、形質転換体の細胞内または細胞表面に生産される本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質は、該レセプター蛋白質の物理的性質や化学的性質等を利用した各種の公知の分離操作法により、それらより分離・精製することができる。該方法としては、具体的には例えばレセプター蛋白質を含む膜分画を可溶化した後、通常の蛋白沈殿剤による処理、限外濾過、分子ふるいクロマトグラフィー(ゲル濾過)、吸着クロマトグラフィー、イオン交換体クロマトグラフィー、アフィニティクロマトグラフィー、高速液体クロマトグラフィー(HPLC)等の各種液体クロマトグラフィー、透析法、これらの組合せ等を例示できる。なお、膜分画は常法に従って得ることができる。例えば本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質を表面に発現した細胞を培養し、これらをバッファーに懸濁後、ホモジナイズし遠心分離することにより得られる。また、できるだけ緩和な可溶化剤(CHAPS、Triton X-100、ジキトニン等)でG蛋白質共役型レセプター蛋白質を可溶化することにより、可溶化後もレセプターの特性を保持することができる。

本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質はマーカ配列とインフレームで融合して発現させることで、該G蛋白質共役型レセプター蛋白質の発現の確認、細胞内局在の確認、精製等が可能になる。マーカ配列としては、例えば、FLAG epitope、Hexa-Histidine tag、Hemagglutinin tag、myc epitope などがある。また、マーカ配列と該G蛋白質共役型レセプター蛋白質の間にエンテロキナーゼ、ファクターXa、トロンビンなどのプロテアーゼが認識する特異的な配列を挿入することにより、マーカ配列部分をこれらのプロテアーゼにより切断除去する事が可能である。例えば、ムスカリンアセチルコリン受容体と Hexa-Histidine tag とをトロンビン認識配列で連結した報告がある(Hayashi, M.K. and Haga, T. (1996) J. Biochem., 120, 1232-1238)

本発明にはG蛋白質共役型レセプター蛋白質の活性を修飾する化合物、ペプチド及び抗体のスクリーニング法が包含される。該スクリーニング法は、前記により構築されたG蛋白質共役型レセプター蛋白質を用いて、該G蛋白質共役型レセプター蛋白質の生理学的な特性に応じたG蛋白質共役型レセプター蛋白質の修飾の指標を測定する系に被験薬を添加し、該指標を測定する手段を含む。該測定系は、具体的には、以下のスクリーニング方法が挙げられる。また、被験薬は従来G蛋白質共役型レセプターリガンド活性を有することは知られているが該新規G蛋白質共役型レセプター蛋白質の活性に対して選択的に修飾するか不明な化合物またはペプチド、あるいはケミカルファイルに登録されている種々のG蛋白質共役型レセプターリガンド活性については不明の公知化合物やペプチド、コンビナトリアル・ケミストリー技術(Terrett, N.K., et al. (1995) Tetrahedron, 51, 8135-8137)によって得られた化合物群やファージ・ディスプレイ法(Felici, F., et al. (1991) J. M. I. Biol., 222, 301-310)などを応用して作成されたランダム・ペプチド群を用いることができる。また、微生物の培養上清や、植物、海洋生物由来の天然成分、動物組織抽出物などもスクリーニングの対象となる。あるいは本発明のスクリーニング法により選択された化合物またはペプチドを化学的または生物学的に修飾した化合物またはペプチドを用いる。

3) 本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質にリガンド、本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質の活性を修飾する化合物、ペプチド及び抗体のスクリーニング方法

a) リガンド結合アッセイ法を利用したスクリーニング方法

本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質に結合する化合物、ペプチド及び抗体(総称してリガンド)はリガンド結合アッセイ法によりスクリーニングする事ができる。該レセプター蛋白質を発現させた細胞膜、あるいは該レセプター蛋白質精製標品を調製し、リガンド結合アッセイ用に精製されたリガンドを放射性標識(50-2000 Ci/mmol)する。緩衝液、イオン、pHのようなアッセイ条件を最適化し、最適化したバッファー中で同レセプター蛋白質を発現させた細胞膜、あるいは該レセプター蛋白質精製標品を放射性標識したリガンドと共に一定時間インキュベーションする。反応後、ガラスフィルター等で濾過し適量のバッフ

アーで洗淨した後、フィルターに残存する放射活性を液体シンチレーションカウンター等で測定する(全結合量)。放射性標識していないリガンドを上記反応液中に大過剰加えることにより非特異的結合量を測定し、全結合量から非特異的結合量を差し引くことにより特異的結合量がえられる。該レセプター蛋白質を発現させた細胞膜、あるいは該レセプター蛋白質精製標品に対して特異的結合を示したリガンドを本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質に対するリガンドとして選択することができる。また、得られた放射活性リガンドの結合阻害を指標に該G蛋白質共役型レセプター蛋白質のアゴニスト活性を有する化合物、ペプチド及び抗体、アンタゴニスト活性を有する化合物、ペプチド及び抗体をスクリーニングすることができる。

b) GTP γ S 結合法を利用したスクリーニング方法

本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質の活性を修飾する化合物、ペプチド及び抗体はGTP γ S 結合法によりスクリーニングすることが可能である(Lazareno, S. and Birdsall, N.J.M. (1993) Br. J. Pharmacol. 109, 1120-1127)。該レセプター蛋白質を発現させた細胞膜を 20 mM HEPES (pH 7.4), 100 mM NaCl, 10 mM $MgCl_2$, 50 mM GDP 溶液中で、 ^{35}S で標識された GTP γ S 400 pM と混合する。被検薬存在下と非存在下でインキュベーション後、ガラスフィルター等で濾過し、結合した GTP γ S の放射活性を液体シンチレーションカウンター等で測定する。被検薬存在下における特異的な GTP γ S 結合の上昇を指標に、該G蛋白質共役型レセプター蛋白質のアゴニスト活性を有する化合物、ペプチド及び抗体をスクリーニングすることができる。また、得られたアゴニスト活性を有する化合物、ペプチド及び抗体による GTP γ S 結合上昇の抑制を指標に該G蛋白質共役型レセプター蛋白質のアンタゴニスト活性を有する化合物、ペプチド及び抗体をスクリーニングすることができる。

c) 細胞内 Ca^{2+} および cAMP 濃度の変動を利用したスクリーニング方法

多くのG蛋白質共役型レセプター蛋白質はアゴニスト刺激で細胞内の Ca^{++} の上昇および／または cAMP 濃度の上昇または低下を引き起こす。ゆえに本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質の活性を修飾する化合物、ペプチド及び抗体は細胞内 Ca^{++} または cAMP 濃度の変動を利用してスクリーニングすることが可能である。 Ca^{++} 濃度の測定は fura2 等を用い、cAMP 濃度の測定は市販の cAMP 測定キット(Amersham 社等)を用いて測定する。

また、 Ca^{++} および cAMP 濃度に依存して転写量が調節される遺伝子の転写活性を検出することにより間接的に Ca^{++} および cAMP 濃度を測定することが可能である。該レセプター蛋白質を発現させた細胞とレセプター蛋白質を発現させていない宿主細胞(コントロール細胞)に化合物、ペプチド、組織抽出物等を一定時間作用させ、 Ca^{++} および cAMP 濃度を直接あるいは間接的に測定する。コントロール細胞と比較して、該レセプター蛋白質を発現させた細胞特異的な Ca^{++} の上昇および／または cAMP 濃度の上昇または低下を指標にアゴニスト活性を有する化合物、ペプチド及び抗体をスクリーニングすることができる。また、得られたアゴニスト活性を有する化合物、ペプチド及び抗体による Ca^{++} の上昇および／または cAMP 濃度の上昇または低下を指標に該G蛋白質共役型レセプター蛋白質のアンタゴニスト活性を有する化合物、ペプチド及び抗体をスクリーニングすることができる。

d) マイクロフィジオメーターを用いたスクリーニング方法

細胞が様々なシグナル応答を行う場合、細胞外への微少な水素イオンの流出が検出される。この水素イオンの流出は、その大部分が、細胞が応答するためのエネルギーを得るための燃料消費で生ずる代謝産物の増加、または細胞のシグナルが直接水素イオンポンプに伝達する場合に生ずる。本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質は、そのシグナル伝達にエネルギーを必要とするため、レセプターの活性化の際には水素イオンの流出が起こる。CYTOSENSOR マイクロフィジオメーター(Molecular Devices 社)により、こ

のような細胞近傍の培地中の微少な水素イオンの流出による pH 変化が検出可能であることから、このようなエネルギーを消費する受容体の活性化の検出に利用できる。

該レセプター蛋白質を発現させた細胞とレセプター蛋白質を発現させていない宿主細胞（コントロール細胞）に化合物、ペプチド、組織抽出物等を一定時間作用させ、水素イオンの流出による pH 変化を測定する。コントロール細胞と比較して、該レセプター蛋白質を発現させた細胞特異的な水素イオンの流出による pH 変化を指標にアゴニスト活性を有する化合物、ペプチド及び抗体をスクリーニングすることができる。また、得られたアゴニスト活性を有する化合物、ペプチド及び抗体による水素イオンの流出による pH 変化を指標に該 G 蛋白質共役型レセプター蛋白質のアンタゴニスト活性を有する化合物、ペプチド及び抗体をスクリーニングすることができる。

本発明には、G 蛋白質共役型レセプター蛋白質または前記スクリーニング法により選択された G 蛋白質共役型レセプター蛋白質の活性を有意に修飾する化合物、ペプチド及び抗体を有効成分とする医薬が包含される。

本発明の G 蛋白質共役型レセプター蛋白質に反応する抗体、例えばポリクローナル抗体、モノクローナル抗体、は各種動物に該新規 G 蛋白質共役型レセプター蛋白質や該 G 蛋白質共役型レセプター蛋白質の断片を直接投与することで得ることができる。また、本発明 G 蛋白質共役型レセプター蛋白質をコードする遺伝子を導入したプラスミドを用いて DNA ワクチン法 (Raz, E. et al. (1994) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 91, 9519-9523; Donnelly, J. J. et al. (1996) J. Infect. Dis., 173, 314-320) によっても得ることができる。

ポリクローナル抗体は該 G 蛋白質共役型レセプター蛋白質またはその断片をフロイント完全アジュバントなどの適当なアジュバントに乳濁し、腹腔、皮下また静脈等に免疫して感作した動物、例えばウサギ、ラット、ヤギ、またはニワトリ等の血清または卵から製造される。このように製造された血清または卵からポリクローナル抗体は常法の蛋白質単離精製法により分離精製することができる。そのような方法としては例えば、遠心分離、透析、硫酸アンモニウムによる塩析、DEAE-セルロース、ハイドロキシアパタイト、プロテイン A アガロース等によるクロマトグラフィー法が挙げられる。

以上のように分離精製された抗体につき、常法により、ペプシン、パパイン等の蛋白質分解酵素によって消化を行い、引き続き常法の蛋白質単離精製法により分離精製することで、活性のある抗体の一部分を含む抗体断片、例えば、F(ab')₂、Fab、Fab'、Fv を得ることができる。

モノクローナル抗体は、ケーラーとミルスタインの細胞融合法(Kohler, G. and Milstein, C. (1975) Nature, 256, 495-497)により当業者が容易に製造することが可能である。

本発明 G 蛋白質共役型レセプター蛋白質またはその断片をフロイント完全アジュバントなどの適当なアジュバントに乳濁した乳濁液を数週間おきにマウスの腹腔、皮下または静脈に数回繰り返し接種することにより免疫する。最終免疫後、脾臓細胞を取り出し、ミエローマ細胞とと融合してハイブリドーマを作製する。

ハイブリドーマを得るためのミエローマ細胞としては、ヒポキサンチン-グアニン-ホスホリボシルトランスフェラーゼ欠損やチミジンキナーゼ欠損のようなマーカーを持つミエローマ細胞、例えば、マウスミエローマ細胞株 P3X63Ag8.U1、を利用する。また、融合剤としてはポリエチレングリコールを利用する。さらにはハイブリドーマ作製における培地として、イーグル氏最小必須培地、ダルベッコ氏変法最小必須培地、RPMI-1640 などの通常よく用いられているものに適宜 10~30%の牛胎児血清を加えて用いる。融合株は HAT 選択法により選択する。ハイブリドーマのスクリーニングは培養上清を用い、ELISA 法、免疫組織染色法などの周知の方法または前記のスクリーニング法により行い、目的の抗体を分泌しているハイブリドーマのクローンを選択する。また、限界希釈法によって、サブクローニングを繰り返すことによりハイブリドーマの単クローン性を保証する。このようにして得られるハイブリドーマは培地中で 2~4 日間、あるいはプリスタンで前処理した BALB/c 系マウスの腹腔内で 10~20 日培養することで精製可能な量の抗体が産生される。

このように製造されたモノクローナル抗体は培養上清あるいは腹水から常法の蛋白質単離精製法により分離精製することができる。そのような方法としては例えば、遠心分離、透析、硫酸アンモニウムによる塩析、DEAE-セルロース、ハイドロキシアパタイト、プロテイン A アガロース等によるクロマトグラフィー法が挙げられる。また、モノクローナル抗体ま

たはその一部分を含む抗体断片は該抗体をコードする遺伝子の全部または一部を発現ベクターに組み込み、大腸菌、酵母、または動物細胞に導入して生産させることもできる。以上のように分離精製された抗体につき、常法により、ペプシン、パパイン等の蛋白質分解酵素によって消化を行い、引き続き常法の蛋白質単離精製法により分離精製することで、活性のある抗体の一部分を含む抗体断片、例えば、F(ab')₂、Fab、Fab'、Fv を得ることができる。

さらには、本発明 G 蛋白質共役型レセプター蛋白質に反応する抗体を、クラクソンらやゼベデらの方法(Clackson, T. et al. (1991) Nature, 352, 624-628; Zebedee, S. et al. (1992) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 89, 3175-3179)により single chain Fv や Fab として得ることも可能である。また、マウスの抗体遺伝子をヒト抗体遺伝子に置き換えたトランスジェニックマウス(Lonberg, N. et al. (1994) Nature, 368, 856-859)に免疫することでヒト抗体を得ることも可能である。

本発明医薬は、G蛋白質共役型レセプターの活性を選択的に制御する新規な薬理作用を有することを特徴としており、該医薬の用途としては該G蛋白質共役型レセプター活性の亢進、低下、変性等の異常に起因するあるいは該異常を発現・併発する疾患である中枢性疾患などが挙げられる。

本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質活性修飾化合物、ペプチド、抗体または抗体断片を有効成分とする製剤は、該有効成分のタイプに応じて、それらの製剤化に通常用いられる担体や賦形剤、その他の添加剤を用いて調製されうる。

投与は錠剤、丸剤、カプセル剤、顆粒剤、細粒剤、散剤、経口用液剤などによる経口投与、あるいは静注、筋注などの注射剤、坐剤、経皮投与剤、経粘膜投与剤などによる非経口投与が挙げられる。特に胃で消化されるペプチドにあっては静注等の非経口投与が望まれる。

本発明による経口投与のための固体組成物は、一つ又はそれ以上の活性物質が少なくとも一つの不活性な希釈剤、例えば乳糖、マンニトール、ブドウ糖、微結晶セルロース、ヒドロキシプロピルセルロース、デンプン、ポリビニルピロリドン、メタケイ酸アルミン酸マグ

ネシウムなどと混合される。組成物は常法に従って、不活性な希釈剤以外の添加剤、例えば滑沢剤、崩壊剤、安定化剤、溶解乃至溶解補助剤などを含有していてもよい。錠剤や丸剤は必要により糖衣又は胃溶性若しくは腸溶性物質などのフィルムで被覆していてもよい。

経口のための液体組成物は、乳濁剤、溶液剤、懸濁剤、シロップ剤、エリキシル剤を含み、一般的に用いられる不活性な希釈剤、例えば精製水、エタノールを含む。該組成物は不活性な希釈剤以外の添加剤、例えば湿潤剤、懸濁剤、甘味剤、芳香剤、防腐剤を含有していてもよい。

非経口のための注射剤としては、無菌の水性または非水性の溶液剤、懸濁剤、乳濁剤を含む。水溶性の溶液剤や懸濁剤には、希釈剤として例えば注射用蒸留水、生理用食塩水などが含まれる。非水溶性の溶液剤、懸濁剤の希釈剤としてはプロピレングリコール、ポリエチレングリコール、オリーブ油のような植物油、エタノールのようなアルコール類、ポリソルベート80等を含む。該組成物はさらに湿潤剤、乳化剤、分散剤、安定化剤、溶解乃至溶解補助剤、防腐剤などを含んでもよい。組成物は例えばバクテリア保留フィルターを通す濾過、殺菌剤の配合、または照射によって無菌化される。また、無菌の固体組成物を製造し、使用に際し無菌水その他の無菌用注射用媒体に溶解し使用することもできる。

投与量は前記スクリーニング法により選択された有効成分の活性の強さ、症状、投与対象の年齢、性別等を考慮して適宜決定される。

図面の簡単な説明

図1は、SREB1、SREB2、及び SREB3 のアミノ酸配列のアラインメントを示す。

図2は、SREB1 のヒト臓器についてのノーザン解析の結果を示す。

図3は、SREB1 のヒト脳の各領域についてのノーザン解析の結果を示す。

図4は、SREB2 のヒト臓器についてのノーザン解析の結果を示す。

図5は、SREB2 のヒト脳の各領域についてのノーザン解析の結果を示す。

図6は、SREB3 のヒト臓器についてのノーザン解析の結果を示す。

図7は、SREB3 のヒト脳の各領域についてのノーザン解析の結果を示す。

図8は、SREB1、SREB2 または SREB3 蛋白質の発現を確認した結果を示す。

図9は、抗3LO抗体の SREB1、SREB2 または SREB3 に対する結合活性を示す。

図10は、抗C24抗体の SREB1 に対する結合活性を示す。

図11は、SREB1、SREB2 または SREB3 を導入した細胞における pCRE-Luc 由来のルシフェラーゼ活性を示す。

図12は、SREB1、SREB2 または SREB3 を導入した細胞における pSRE-Luc 由来のルシフェラーゼ活性を示す。

発明を実施するための最良の形態

以下、本発明を更に具体的に開示するために、実施例を記載するが、本発明は実施例に限定されるものではない。なお、特に断りがない場合は、公知の方法(Maniatis, T. et al. (1982): "Molecular Cloning - A Laboratory Manual" Cold Spring Harbor Laboratory, NY)に従って実施可能である。

(実施例1)新規G蛋白質共役型レセプターファミリー蛋白質をコードする遺伝子の単離

本発明のG蛋白質共役型レセプターファミリー蛋白質(SREB1、SREB2 または SREB3)をコードする全長 cDNA は、ヒト脳由来の poly A⁺ RNA(Clontech 社)を template として RT-PCR により取得した。

新規G蛋白質共役型レセプターヒト SREB1 の増幅には forward primer として 5'-AAAATCTAGA CGCGATGGCGAACGCGAGCGA-3'(配列番号: 7)、reverse primer として 5'-AAAATCTAGA GTCTATGTGGCGGGGCCTCCC-3'(配列番号: 8)を用いた(それぞれの5'末端には XbaI site が付加してある)。RT-PCR は Pfu DNA polymerase(Stratagen 社)を用い 5% formamide 存在下で 98 °C(20 秒)/64 °C(30 秒)/74 °C(3 分)のサイクルを 34 回繰り返した。その結果、約 1.2 kbp の DNA 断片が増幅された。この断片を XbaI で消化した後、pCEP4 plasmid(Invitrogen 社)を用いてクローニングした。pCEP4 plasmid

は、動物細胞において強力なプロモーター活性を示す CMV プロモーターを持っているので、動物細胞に組み換え蛋白質を発現させるのに使用できる。得られたクローンの塩基配列は dideoxy terminator 法により ABI377 DNA Sequencer (Applied Biosystems 社) を用いて解析した。明らかになった配列を配列表 配列番号: 1 に示す。

同配列は 1125 base の open reading frame (配列番号: 1 の第 1 番目から第 1125 番目) を持っている。open reading frame から予測されるアミノ酸配列 (375 アミノ酸) を配列表 配列番号: 2 に示す。予想アミノ酸配列は、G 蛋白質共役型レセプターの特徴である 7 個の膜貫通ドメインと思われる疎水性領域を有していることから、本遺伝子が G 蛋白質共役型レセプターをコードすることが解った。

新規 G 蛋白質共役型レセプターヒト SREB2 の増幅には forward primer として 5'-AAAATCTAGA TCTATGGCGAACTATAGCCATGCA-3' (配列番号: 9)、reverse primer として 5'-AAAATCTAGA AAGGCTAAAGATTTACAGATGCTCC-3' (配列番号: 10) を用いた (それぞれの 5' 末端には XbaI site が付加してある)。RT-PCR は Pfu DNA polymerase (Stratagene 社) を用い 96°C (20 秒) / 54°C (30 秒) / 74°C (3 分) のサイクルを 34 回繰り返した。その結果、約 1.2 kbp の DNA 断片が増幅された。この断片を XbaI で消化した後、pCEP4 plasmid (Invitrogen 社) を用いてクローニングした。得られたクローンの塩基配列は dideoxy terminator 法により ABI377 DNA Sequencer (Applied Biosystems 社) を用いて解析した。明らかになった配列を配列表 配列番号: 3 に示す。

同配列は 1110 base の open reading frame (配列番号: 3 の第 1 番目から第 1110 番目) を持っている。open reading frame から予測されるアミノ酸配列 (370 アミノ酸) を配列表 配列番号: 4 に示す。予想アミノ酸配列は、G 蛋白質共役型レセプターの特徴である 7 個の膜貫通ドメインと思われる疎水性領域を有していることから、本遺伝子が G 蛋白質共役型レセプターをコードすることが解った。

新規 G 蛋白質共役型レセプターヒト SREB3 の増幅には forward primer として 5'-AAAATCTAGA GTATGGCCAACACTACCGGAGAG-3' (配列番号: 11)、reverse primer として 5'-AAAATCTAGA CCTGTCTGCCTACCAGCCTGC-3' (配列番号: 12) を用いた (そ

それぞれの 5'末端には XbaI site が付加してある)。RT-PCR は Pfu DNA polymerase (Stratagene 社)を用い 5% formamide 存在下で 98°C(20 秒)／62°C(30 秒)／74°C(3 分)のサイクルを 34 回繰り返した。その結果、約 1.2 kbp の DNA 断片が増幅された。この断片を XbaI で消化した後、pCEP4 plasmid(Invitrogen 社)を用いてクローニングした。得られたクローンの塩基配列は dideoxy terminator 法により ABI377 DNA Sequencer(Applied Biosystems 社)を用いて解析した。明らかになった配列を配列表 配列番号:5 に示す。

同配列は 1119 base の open reading frame(配列番号:5の第 1 番目から第 1119 番目)を持っている。open reading frame から予測されるアミノ酸配列(373 アミノ酸)を配列表 配列番号:6 に示す。予想アミノ酸配列は、G蛋白質共役型レセプターの特徴である 7 個の膜貫通ドメインと思われる疎水性領域を有していることから、本遺伝子がG蛋白質共役型レセプターをコードすることが解った。

新規G蛋白質共役型レセプターSREB ファミリー(SREB1、SREB2 または SREB3)と既存のG蛋白質共役型レセプターファミリーとのホモロジーはそれぞれアミノ酸配列で25%以下である。

一方、SREB1 と SREB2 のホモロジーは 52%、SREB1 と SREB3 のホモロジーは 52%、SREB2 と SREB3 のホモロジーは 63%と既存のG蛋白質共役型レセプターとのホモロジーに比べ有意に高い(図1)。このことは本発明のG蛋白質共役型レセプターSREB1、SREB2 または SREB3 が既存のG蛋白質共役型レセプターとは独立した新規なG蛋白質共役型レセプターファミリーを形成していることを示している。

(実施例2)組織におけるヒト新規G蛋白質共役型レセプターファミリー遺伝子の発現分布

Northern blot hybridization 法により本発明のG蛋白質共役型レセプター遺伝子の発現分布を解析した。ヒト SREB1 の probe には cDNA 断片(配列番号:1の第 722 番目から第 1054 番目)を用いた。ヒトの各臓器由来の poly A⁺ RNA(2 µg)をブロットしたメンブレン(Clontech 社)と prob の hybridization は 50% formamide、5 x SSPE、10 x Denhardt's 溶

液、2% SDS、100 $\mu\text{g/ml}$ 変性サケ精子 DNA を含む溶液中で、42°C (18 時間) で行った。メンブレンは、最終的に 0.2 x SSC、0.1% SDS を含む溶液で 2 回 (65°C、30 分) 洗浄した。ヒトの各臓器 (心臓、脳、胎盤、肺、肝臓、骨格筋、腎臓、膵臓、脾臓、胸腺、前立腺、精巣、卵巣、小腸、大腸、末梢血白血球) について Northern 解析を行ったところ、図 2 に示すように 3 kb の mRNA が脳、卵巣、精巣、心臓、前立腺で、3 kb と 2.3 kb の mRNA が末梢血白血球で検出された。また、膵臓でも 3 kb のシグナルが若干検出された。さらに、ヒト脳の各領域 (扁桃体、尾状核、脳梁、海馬、黒質、視床下核、視床、小脳、大脳皮質、延髄、脊髄、大脳皮質後頭葉、大脳皮質前頭葉、大脳皮質側頭葉、被殻) についても Northern 解析を行った。本発明の G 蛋白質共役型レセプターヒト SREB1 遺伝子の 3 kb の mRNA は調べた全てのヒト脳領域で検出され、ヒト脳内で広範に発現していることがわかった (図 3)。

ヒト SREB2 の probe には cDNA 断片 (配列番号: 3 の第 558 番目から第 888 番目) を用いた。上記同条件で Northern 解析を行ったところ、図 4 に示すように 3.2 kb の mRNA が脳で、2.4 kb、3.5 kb、6.3 kb の mRNA が精巣で検出された。また、3.5 kb のシグナルが胎盤、脾臓で、3.2 kb のシグナルが小腸で若干検出された。本発明の G 蛋白質共役型レセプターヒト SREB2 遺伝子の 3.2 kb の mRNA は脳の中でも扁桃体、尾状核、海馬、黒質、視床下核、視床、小脳、大脳皮質群、被殻で多く検出され、脳梁、延髄、脊髄ではあまり検出されなかった。また、脳各領域で 7.8 kb のシグナルが若干検出された (図 5)。

ヒト SREB3 の probe には cDNA 断片 (配列番号: 5 の第 1 番目から第 652 番目) を用いた。上記同条件で Northern 解析を行ったところ、図 6 に示すように 4 kb、5.1 kb の mRNA が脳で、4 kb、5.1 kb、9.7 kb の mRNA が卵巣で検出された。本発明の G 蛋白質共役型レセプターヒト SREB3 遺伝子の mRNA は脳の各領域で 4 kb をメインに 5.1 kb、若干 9.7 kb のシグナルとして検出され、4 kb の mRNA は扁桃体、海馬、視床下核、小脳、大脳皮質で、5.1 kb の mRNA は黒質、視床下核、脊髄で比較的多く検出された (図 7)。

以上の結果より、本発明の G 蛋白質共役型レセプターファミリー遺伝子 SREB1、SREB2 または SREB3 は中枢神経系、泌尿器生殖器系を中心に発現していることが示された。

(実施例3)ヒト新規G蛋白質共役型レセプターファミリー蛋白質の発現の確認

ヒト SREB1、SREB2 または SREB3 を発現させるための発現ベクターとして pCEP4 (Invitrogen 社)を用いた。そのとき、ヒト SREB1、SREB2 または SREB3 の N 末端にマーカ一配列として FLAG epitope を融合するために、SREB1、SREB2 または SREB3 の蛋白質コーディング配列の 5'末端に ATGGACTACAAGGACGACGATGACAAGGGGATCCTG(配列番号: 13)を挿入した。このように構築したプラスミドはそれぞれ、pCEP4-FL-SREB1、pCEP4-FL-SREB2、pCEP4-FL-SREB3 とした。これらのプラスミドを用いることで、ヒト SREB1、SREB2 または SREB3 のポリペプチドの N 末端に Met Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Asp Lys Gly Ile Leu(配列番号14)が融合したポリペプチドが発現する。

10cm シャーレに 293-EBNA(Invitrogen 社)を 1×10^6 細胞で播種して1日培養後、8 μg の pCEP4-FL-SREB1、pCEP4-FL-SREB2、pCEP4-FL-SREB3 および pCEP4-FL(ベクターのみ)を FuGENE6(Boeringer Mannheim 社)を用いて遺伝子導入した。遺伝子導入後、一日培養した細胞を回収、洗浄後、20 mM Tris.HCl(pH7.4)/150 mM NaCl/コンプリート™ (Boeringer Mannheim 社)に懸濁してポリトロンにてホモジェナイズした。ホモジェネートに最終濃度 0.2%、0.1%、0.2%になるように Triton X-100、Digitonin、sodium cholate を加え、4 °Cで2時間インキュベーションし、可溶化した。可溶化サンプルから M2-agarose(Sigma 社)を用いて FLAG epitope 融合蛋白を免疫沈降した。免疫沈降物を 200 μM FLAG peptide/20 mM Tris-HCl(pH7.4)/150 mM NaCl で溶出した。溶出サンプルは濃縮後、SDS/10%~20% アクリルアミドゲル(第一化学薬品社)を用いて電気泳動後、ブロッティング装置を用いて PVDF 膜に転写した。転写後の PVDF 膜に、ブロッキング後、マウス抗 FLAG モノクローナル抗体(M2; Sigma 社)、西洋わさびパーオキシダーゼ標識ウサギ抗マウス IgG ポリクローナル抗体(Zymed 社)を順次反応させた。反応後、ECL ウェスタンブロッティング検出システム(アマシャムファルマシア社製)を用いて SREB1、SREB2 または SREB3 蛋白質の発現を確認した(図8)。

抗 FLAG 抗体と反応する蛋白質は pCEP4-FL を導入した細胞には存在しないが、pCEP4-FL-SREB1、pCEP4-FL-SREB2、pCEP4-FL-SREB3 を導入した細胞では、35-45 kDa のバンドとして検出された。ヒト SREB1、ヒト SREB2、またはヒト SREB3 の推定分子量はそれぞれ、39.8 kDa、42.0 kDa、41.5 kDa であり、ほぼ予測される分子量にバンドが存在した。また、ヒト SREB1 では二量体と考えられる 65-75 kDa のバンドも検出された。

(実施例4)ラット SREB1(rSREB1)、ラット SREB2(rSREB2)、またはラット SREB3(rSREB3)蛋白質をコードする遺伝子の単離

rSREB1、rSREB2、又は rSREB3 をコードする全長 cDNA は、ラット脳由来の poly A+ RNA(Clontech 社)を template として RT-PCR により取得した。

rSREB1 の 増 幅 に は forward primer と し て 5'-AAAATCTAGACGGCGATGGCGAACGCTAGTGA-3'(配列番号:15)、reverse primer と し て 5'-AAAATCTAGA CACTTTGAGAGTCTTGTGAAGGC-3'(配列番号:16)を用いた(それぞれの5'末端には XbaI site が付加してある)。cDNA の増幅、クローニング、塩基配列決定は実施例1と同様の方法で行った。明らかになった配列を配列表 配列番号:21に示す。

同配列は 1131 base の open reading frame(配列番号:21の第1番目から第1131番目)を持っている。open reading frame から予測されるアミノ酸配列(377 アミノ酸)を配列表 配列番号:22に示す。予想アミノ酸配列はヒト SREB1 と 97%一致していることから、本遺伝子が rSREB1 をコードすることが解った。

rSREB2 の 増 幅 に は forward primer と し て 5'-AAAATCTAGATCTATGGCGAACTATAGCCATGC-3'(配列番号:17)、reverse primer と し て 5'-AAAATCTAGA AAGGCTAAAGATTTACAGATGCTCC-3'(配列番号:18)を用いた(それぞれの5'末端には XbaI site が付加してある)。cDNA の増幅、クローニング、塩

基配列決定は実施例1と同様の方法で行った。明らかになった配列を配列表 配列番号:23に示す。

同配列は1110 base の open reading frame(配列番号:23の第1番目から第1110番目)を持っている。open reading frame から予測されるアミノ酸配列(370 アミノ酸)を配列表 配列番号:24に示す。予想アミノ酸配列はヒト SREB2と100%一致していることから、本遺伝子が rSREB2 をコードすることが解った。

rSREB3 の 増 幅 に は forward primer と し て 5'-AAAATCTAGACAAATACTGAACTGGCCGATCCCC-3'(配列番号:19)、reverse primer として 5'-AAAATCTAGA TGTTGGCCCCAGTATGGTGATCAT-3'(配列番号:20)を用いた(それぞれの5'末端には XbaI site が付加してある)。cDNA の増幅、クローニング、塩基配列決定は実施例1と同様の方法で行った。明らかになった配列を配列表 配列番号:25に示す。

同配列は1119 base の open reading frame(配列番号:25の第1番目から第1119番目)を持っている。open reading frame から予測されるアミノ酸配列(373 アミノ酸)を配列表 配列番号:26に示す。予想アミノ酸配列はヒト SREB3 と 99%一致していることから、本遺伝子が rSREB3 をコードすることが解った。

実施例 5 ヒト SREB1 に対する抗体の作製

ヒト SREB1 に対する抗体を作製するための免疫用抗原としてヒト SREB1 の部分アミノ酸配列をグルタチオン-S-トランスフェラーゼ(GST)と融合したものを用いた。実際には、ヒト SREB1 のアミノ酸配列(配列番号2)の208番目から282番目の領域(3LO)および351番目から375番目の領域(C24)に相当する cDNA フラグメントに制限酵素 BamHI および XhoI 切断部位を結合した形でPCR 法にて増幅し、GST Gene Fusion Vector(pGEX-5X-1: アマシャムファルマシア社製)の BamHI、XhoI の間に挿入した。このように構築したプラスミドで、大腸菌 BL21(DE3) pLysS(Novagen 社製)のコンピテントセルを形質転換した。その

形質転換株を培養し、1mM IPTG にて発現誘導することで、GST-3LO 融合蛋白および GST-C24 融合蛋白を大腸菌内に発現させた。GST-3LO および GST-C24 は大腸菌破砕物から Glutathione Sepharose4B(アマシャムファルマシア社製)を用いて使用説明書に準じて精製した。

精製した GST-3LO 融合蛋白と Freund's complete adjuvant(CalBioChem 社)を等量混合しエマルジョン化したものを白色レグホン雌(140日齢)のフォアブリキュウス囊付近に投与した。投与量は初回が 1mg でその後2週間おきに 0.5mg ずつ4回投与した。最終免疫後、採卵し、卵黄を生理食塩水で希釈後、デキストラン硫酸を用いて脱脂した後、DEAE Sepharose(アマシャムファルマシア社製)を用いて、IgY を精製し抗 3LO 抗体とした。また、精製した GST-C24 融合蛋白は TiterMax Gold(CytRX 社)と等量混合しエマルジョン化したものを日本白色ウサギ(6週齢)の背部皮下に投与した。投与量は初回が 1mg でその後2週間おきに 0.5mg ずつ2回投与した。最終免疫後、採血し、血清から、ProteinG Sepharose(アマシャムファルマシア社製)を用いて使用説明書に準じて、IgG を精製し抗 C24 抗体とした。

抗 3LO 抗体はヒト SREB1 のアミノ酸配列(配列番号2)の208番目から282番目の領域を抗原としていること、この部分アミノ酸配列は SREB1、SREB2または SREB3で共通する配列を多く含むこと(図1参照)から、抗 3LO 抗体は SREB1、SREB2または SREB3 を共通に認識する可能性が考えられる。また、抗 C24 抗体はヒト SREB1 のアミノ酸配列(配列番号2)の351番目から375番目の領域を抗原としていること、この部分アミノ酸配列は SREB2、3 には存在せず SREB1 にのみ存在する配列であること(図1参照)から、抗 C24 抗体は SREB1 のみを認識する可能性が考えられる。そこで、抗 3LO 抗体および抗 C24 抗体の特異性を確認するために、実施例3で調製した SREB1、SREB2 または SREB3 を発現させた 293-EBNA の抗 FLAG 抗体の免疫沈降物と抗 3LO 抗体および抗 C24 抗体を用いてウエスタンブロッティングを行った。

実際には、SDS/10%~20% アクリルアミドゲル(第一化学薬品社)を用いて電気泳動後、ブロッティング装置を用いて PVDF 膜に転写した。転写後の PVDF 膜に、ブロッキング後、

10 $\mu\text{g/ml}$ の抗 3LO 抗体、西洋わさびパーオキシダーゼ標識ウサギ抗ニワトリ IgG ポリクローナル抗体(Zymed 社)を順次反応させるか、または、10 $\mu\text{g/ml}$ の抗 C24 抗体、西洋わさびパーオキシダーゼ標識ヤギ抗ウサギ IgG ポリクローナル抗体(MBL 社)を順次反応させるかした。反応後、ECL ウェスタンブロッティング検出システム(アマシャムファルマシア社製)を用いて発色させた。抗 3LO 抗体と反応するバンドは実施例3の抗 FLAG 抗体と同等の位置に pCEP4-FL-SREB1、pCEP4-FL-SREB2、または pCEP4-FL-SREB3 を導入した細胞で検出された(図9)。また、抗 C24 抗体と反応するバンドは実施例3の抗 FLAG 抗体と同等の位置に pCEP4-FL-SREB1 を導入した細胞にのみ検出された(図10)。

以上の結果より、抗 3LO 抗体は SREB1、SREB2 または SREB3 を認識する抗体であり、抗 C24 抗体は SREB1 のみを認識する抗体であることが示された。これらの抗体を用いることで、ウェスタンブロット法や免疫組織染色法等で天然の SREB1、SREB2 または SREB3 を検出することが可能となった。

実施例6 ヒト SREB1、SREB2 または SREB3 導入細胞における cAMP-response element(CRE)、serum response element(SRE)を介した転写活性の検討

CRE あるいは SRE を介した転写活性の上昇は、様々な G 蛋白質共役型レセプターの細胞内情報伝達系の活性化に伴って引き起こされる(Lolait, S.J., et al. (1992) *Nature*, 357, 336-339; Hoeltzel, W.L., et al. (1997) *Am. J. Physiol.*, 273, C2037-C2045; An, S., et al. (1998) *J. Biol. Chem.*, 273, 7906-7910)。また、G 蛋白質共役型レセプターはアゴニスト非存在下でも一部の遷移的な活性型コンフォメーションを介して細胞内情報伝達系が部分的に活性化されることが知られている(Kenakin, T. (1995) *Trends Pharmacol. Sci.*, 16, 188-192)。これらのことより、アゴニスト非存在下でも、SREB1、SREB2 または SREB3 導入細胞での CRE および SRE を介した転写活性の変化が見いだされれば、該 G 蛋白質共役型レセプターが機能的であること、また、該 G 蛋白質共役型レセプターの細胞内情報伝達系の活性化が CRE および SRE を介した転写活性とつながることを証明できる。

ヒト SREB1、SREB2 または SREB3 を発現させるための発現ベクターとして pEF-BOS

(Mizushima, S. and Nagata, S. (1990) *Nucleic Acids Res.*, 18, 5322)を用い、pEF-BOS-SREB1、pEF-BOS-SREB2、pEF-BOS-SREB3 を作製した。24 ウェルプレートに 293-EBNA(Invitrogen 社)を 8×10^4 細胞で播種して1日培養後、250 ng の pEF-BOS-SREB1、pEF-BOS-SREB2、pEF-BOS-SREB3 および pEF-BOS(ベクターのみ)を 25 ng の CRE-reporter plasmid pCRE-Luc(Stratagene 社)あるいは SRE-reporter plasmid pSRE-Luc(Stratagene 社)と共に FuGENE6(Boeringer Mannheim 社)を用いて遺伝子導入した(各 3 ウェル)。遺伝子導入後、12 時間ごとに PicaGene Cell Culture Lysis Reagent Luc(ニッポンジーン社)を用いて細胞を溶解し、PicaGene Luminescence Kit(ニッポンジーン社)を用いて各 reporter plasmid から産生されるルシフェラーゼ活性を測定した。

遺伝子導入後 24 時間における SREB1、SREB2 または SREB3 を導入した細胞のルシフェラーゼ活性を、ベクターのみを導入した細胞(コントロール)のルシフェラーゼ活性に対する相対活性(コントロールを 1 とする)として処理した結果を図11(pCRE-Luc 由来のルシフェラーゼ活性)、図12(pSRE-Luc 由来のルシフェラーゼ活性)に示す。CRE を介した転写活性は SREB1 導入細胞で最も上昇し、SREB2、SREB3 導入細胞でもコントロールに対して有意に上昇していた。一方、SRE を介した転写活性は SREB2 導入細胞で最も上昇し、SREB1、SREB3 導入細胞でもコントロールに対して有意に上昇していた。

これらの結果により SREB1、SREB2 または SREB3 が機能的レセプターであり、該 G 蛋白質共役型レセプターの細胞内情報伝達系の活性化が CRE あるいは SRE を介した転写活性の上昇につながることを示された。

産業上の利用可能性

本発明により、中枢神経系に発現している新規なG蛋白質共役型レセプターファミリー蛋白質 SREB1、SREB2 または SREB3、該蛋白質をコードする遺伝子、該遺伝子を含むベクター、該ベクターを含む宿主細胞、該G蛋白質共役型レセプター蛋白質の製造方法が提供された。

また、本発明のG蛋白質共役型レセプター蛋白質と被験薬を接触させることにより、該G蛋白質共役型レセプター蛋白質の活性を修飾する化合物、ペプチド及び抗体をスクリーニングし、新たな医薬、特に、新たな中枢性疾患治療剤をスクリーニングすることを可能にした。

本発明の中枢神経系に発現しているG蛋白質共役型レセプター蛋白質の活性を特異的に修飾する化合物、ペプチド及び抗体を有効成分とする医薬は、中枢神経系の機能性／器質性疾患の治療薬剤等としての有用性が期待できる。また、本発明のG蛋白質共役型レセプターファミリー蛋白質は中枢神経系のみならず、泌尿器生殖器系で発現していることから、その活性を特異的に修飾する化合物、ペプチド及び抗体を有効成分とする医薬は泌尿器生殖器系に関わる疾患の治療薬剤等としての有用性が期待できる。また、本発明のG蛋白質共役型レセプターの内例えば SREB1 蛋白質は中枢神経系、泌尿器生殖器系に加え、心臓、末梢白血球で発現していることから SREB1 蛋白質の活性を特異的に修飾する化合物、ペプチド及び抗体を有効成分とする医薬は中枢性疾患、泌尿器生殖器系に関わる疾患に加え循環器系疾患、免疫炎症系疾患の治療薬剤等としての有用性が期待できる。

本発明新規G蛋白質共役型レセプターファミリーSREB1、SREB2 または SREB3 はヒトとラットでアミノ酸の保存率が極めて高い。この保存率は既存のG蛋白質共役型レセプターファミリーの中で最も高く、このことは新規G蛋白質共役型レセプターファミリーSREB1、SREB2、及び SREB3 の生体内での役割、特に中枢神経系での生理的役割の重要性を示していると考えられる。また、ヒトとラットでアミノ酸配列が 97%以上の保存率を示していることから、本新規G蛋白質共役型レセプターファミリーSREB1、SREB2 または SREB3 に作用する薬物の活性には種差が殆ど無いと考えられる。従って、本発明のG蛋白質共役型レセプターは、それ自体又は当該レセプターを用いたスクリーニングから得られた化合物又は蛋白質を医薬として開発する際、ヒトに対する薬理効果を試験するに先立って、予め、例えばラット等の動物実験を行うことができるという利点があり、動物実験データからデータからヒトの臨床データを予測することが容易である点で有用である。

本発明G蛋白質共役型レセプター蛋白質に対する抗体は、該G蛋白質共役型レセプター蛋白質の臓器での発現およびその変動を ELISA アッセイ、ラジオイムノアッセイ、ウエスタンブロット法等によって検出することが可能であり、診断薬として有用である。また、該新規 G 蛋白質共役型レセプター蛋白質の活性を修飾する抗体は該新規 G 蛋白質共役型レセプター蛋白質が関与する疾患の治療薬として、さらに該レセプター蛋白質の分離精製の道具としても有用である。

請 求 の 範 囲

1. 配列番号: 2、4、6、22、または26記載のアミノ酸配列を有しているG蛋白質共役型レセプター蛋白質、あるいは、該蛋白質の同効物であるG蛋白質共役型レセプター蛋白質。
2. 配列番号: 2、4、6、22、または26記載のアミノ酸配列を有するG蛋白質共役型レセプター蛋白質。
3. 請求の範囲1に記載のG蛋白質共役型レセプター蛋白質をコードする塩基配列を有する遺伝子。
4. 請求の範囲3記載の遺伝子を含むベクター。
5. 請求の範囲4記載のベクターを含む宿主細胞。
6. 請求の範囲5記載の宿主細胞を用いる請求の範囲1または乃至2記載のG蛋白質共役型レセプター蛋白質、あるいは、該蛋白質の同効物であるG蛋白質共役型レセプター蛋白質の製造方法。
7. 請求の範囲1または2記載のG蛋白質共役型レセプター蛋白質と被験化合物とを接触させ、当該G蛋白質共役型レセプター蛋白質作用薬をスクリーニングする方法。
8. 請求の範囲1または2記載のG蛋白質共役型レセプター蛋白質またはその部分ペプチドに対する抗体またはその断片。

1/10

[2] 1

SREB 1 MANASEPGGSGGGEAAALG - - - LKLA T L S L L L C V S L A G N 36
 SREB 2 MANYSHAADNILONLSP - - L T A F L K L T S L G F I I G V S V V G N 38
 SREB 3 MANTTGEPEEVSGALSPPSASAYVKLV L L G L I M C V S L A G N 40

SREB 1 V L F A L L I V R E R S L H R A P Y Y L L L D L C L A D G L R A L A C L P A V M 76
 SREB 2 L L I S I L L V K D K T L H R A P Y Y F L L D L C C S D I L R S A I C F P F V F 78
 SREB 3 A I L S L L V L K E R A L H K A P Y Y F L L D L C L A D G I R S A V C F P F V L 80

SREB 1 L A A R R A A A A G A P P G A L G C K L L A F L A A L F C F H A A F L L L G V 116
 SREB 2 N S V K N G S T W T Y - - - G T L T C K V I A F L G V L S C F H T A F M L F C I 115
 SREB 3 A S V R H G S S W T F - - - S A L S C K I V A F M A V L F C F H A A F M L F C I 117

SREB 1 G V T R Y L A I A H H R F Y A E R L A G W P C A A M L V C A A W A L A L A A A F 156
 SREB 2 S V T R Y L A I A H H R F Y T K R L T F W T C L A V - I C M V W T L S V A M A F 154
 SREB 3 S V T R Y M A I A H H R F Y A K R M T L W T C A A V - I C M A W T L S V A M A F 156

SREB 1 P P V L D G G G - - - D D E D A P C A L E O R P D G A P G A L G F L L L L A V V 193
 SREB 2 P P V L D V G T Y S F I R E E D Q C T F Q H R S F R A N D S L G F M L L L A L I 194
 SREB 3 P P V F D V G T Y K F I R E E D Q C I F E H R Y E K A N D T L G F M L M L A V L 196

SREB 1 V G A T H L V Y L R L L F F I H D R R K M R P A R L V P A V S H D W T F H G P G 233
 SREB 2 L L A T Q L V Y L K L I F F V H D R R K M K P V Q F V A A V S Q N W T F H G P G 234
 SREB 3 M A A T H A V Y G K L L L F E Y R H R K M K P V Q M V P A I S Q N W T F H G P G 236

SREB 1 A T G Q A A A N W T A G F G R G P T P P A L V G I R P A G P G R G A R R L L V L 273
 SREB 2 A S G Q A A A N W L A G F G R G P T P P T L L G I R Q N A N T T G R R L L V L 274
 SREB 3 A T G Q A A A N W I A G F G R G P M P P T L L G I R Q N G H A A S R R - L L G M 275

SREB 1 E E F K T E K R L C K M F Y A V T L L F L L L W G P Y V V A S Y L R V L V R P G 313
 SREB 2 D E F K M E K R I S R M F Y I M T F L F L T L W G P Y L V A C Y W R V F A R G P 314
 SREB 3 D E V K G E K Q L G R M F Y A I T L L F L L L W S P Y I V A C Y W R V F V K A C 315

SREB 1 A V P Q A Y L T A S V W L T F A Q A G I N P V V C F L F N R E L R D C F R A Q F 353
 SREB 2 V V P G G F L T A A V W M S F A Q A G I N P F V C I F S N R E L R R C F S T T L 354
 SREB 3 A V P H R Y L A T A V W M S F A Q A A V N P I V C F L L N K D L K K C L R T H A 355

SREB 1 P C C Q S P R T T Q A T H P - - C D L K G I G L . 376
 SREB 2 L Y C R K S - - - R L P R E P Y C - - - - V I . 371
 SREB 3 P - C W G T G G A P A P R E P Y C - - - - V M . 374

2/10

図2

9.5-
7.5-
4.4-
2.4-
1.4-

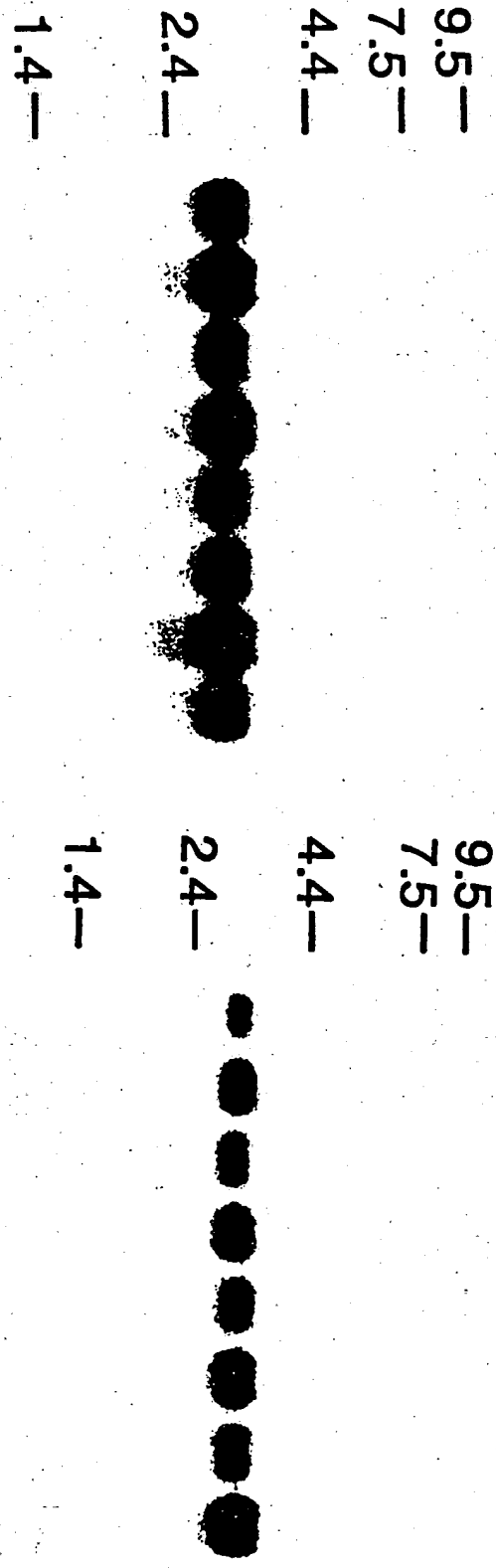
心臓
脳
胎盤
肺
肝臓
骨格筋
腎臓
脾臓

9.5-
7.5-
4.4-
2.4-
1.4-

脾臓
胸腺
前立腺
精巣
卵巢
小腸
大腸
末梢血白血球

3/10

図3



4/10

図4

9.5-
7.5-
4.4-
2.4-
1.4-

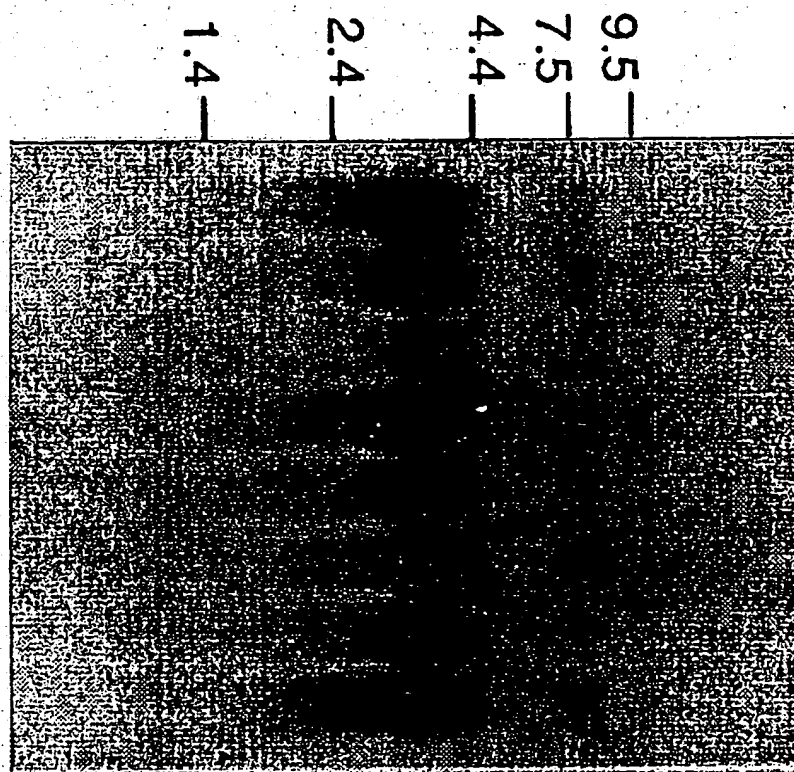
心臟
腦
胎盤
肺
肝臓
骨格筋
腎臓
脾臓

9.5-
7.5-
4.4-
2.4-
1.4-

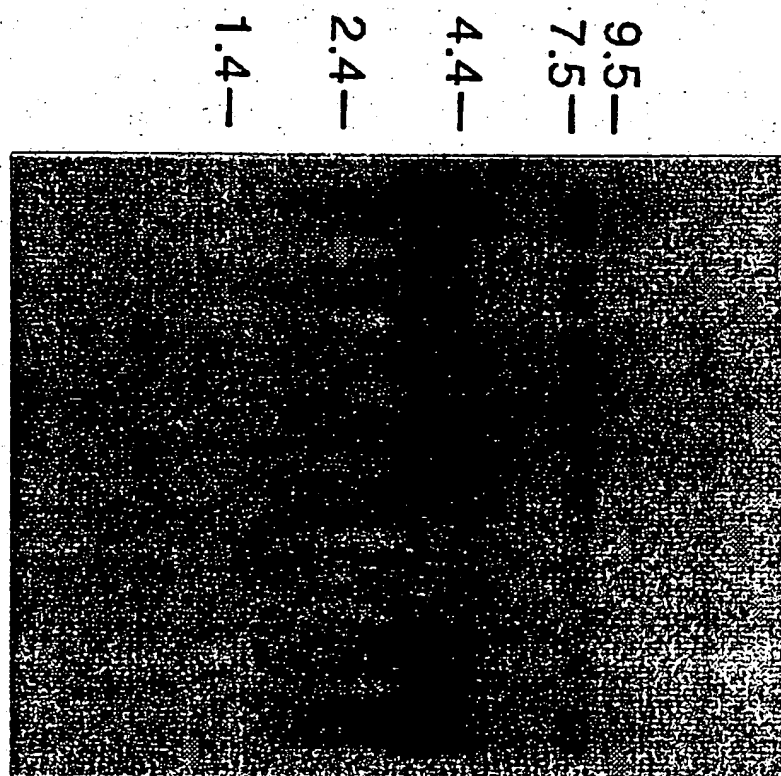
脾臓
胸腺
前立腺
精巢
卵巣
小腸
大腸
末梢白血球

5/10

図5



扁桃体
尾状核
脳梁
海馬
全脳
黒質
視床下核
視床



小脳
大腦皮質
延髄
脊髓
大腦皮質後頭葉
大腦皮質前頭葉
大腦皮質側頭葉
被殻

6/10

図6

9.5-
7.5-
4.4-
2.4-
1.4-

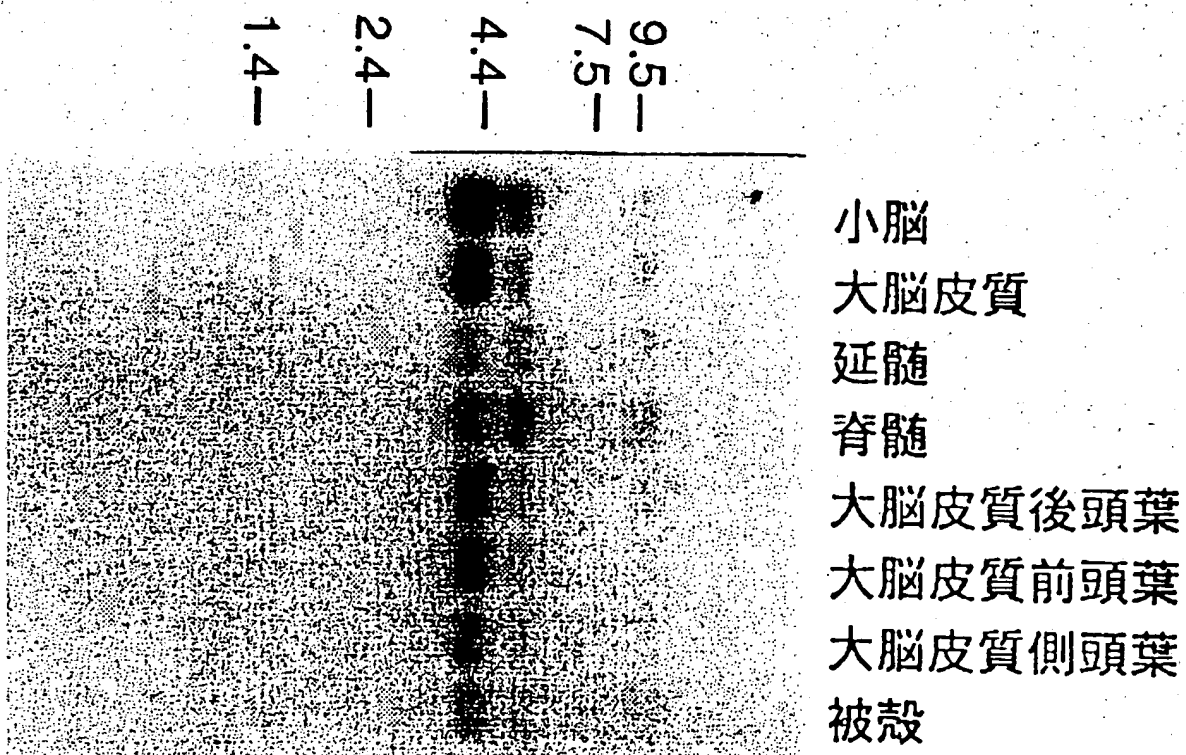
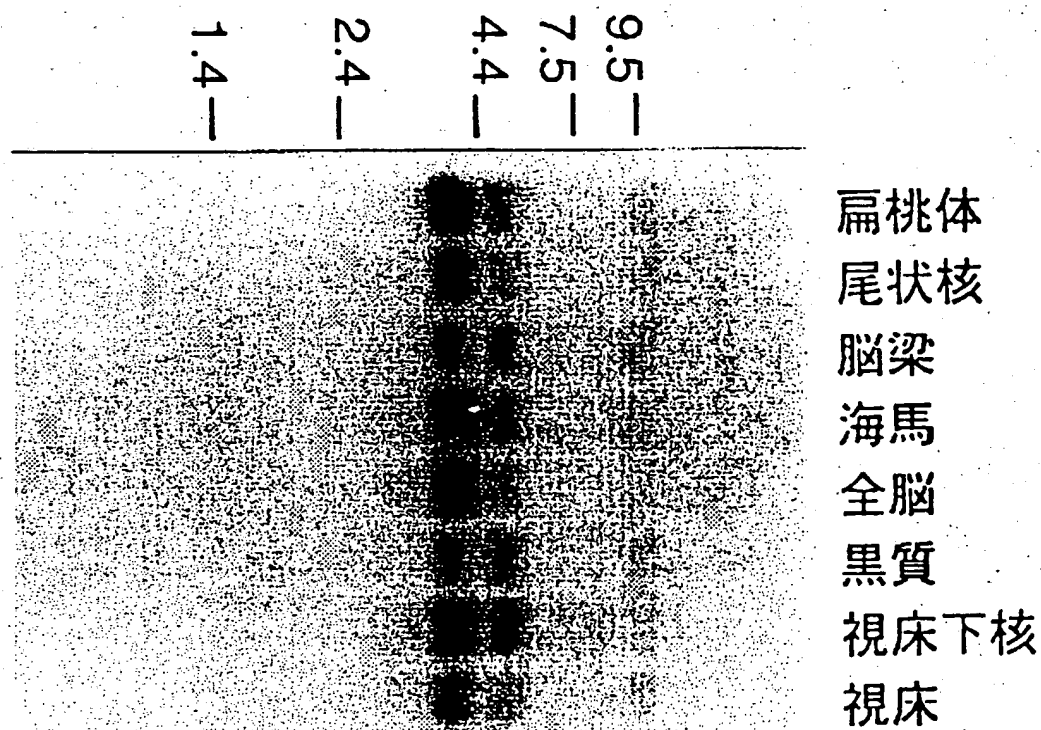
心臟
腦
胎盤
肺
肝臓
骨格筋
腎臓
脾臓

9.5-
7.5-
4.4-
2.4-
1.4-

脾臓
胸腺
前立腺
精巣
卵巣
小腸
大腸
末梢血白血球

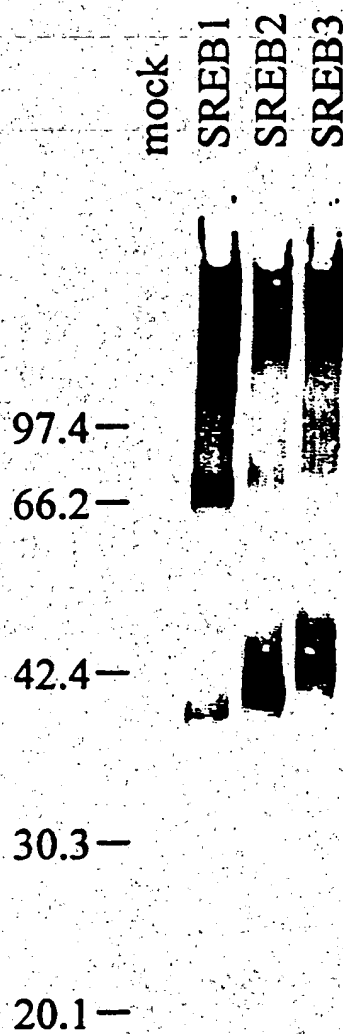
7/10

図7



8/10

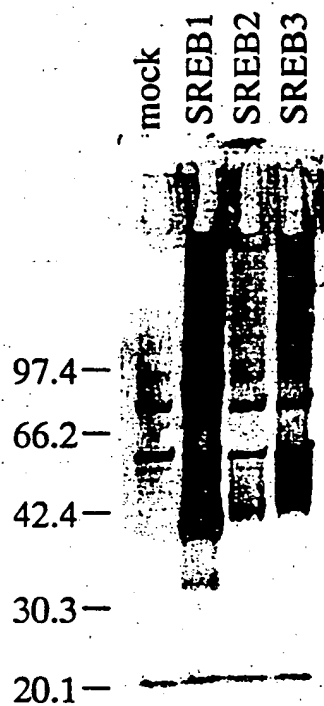
8



anti-FLAG

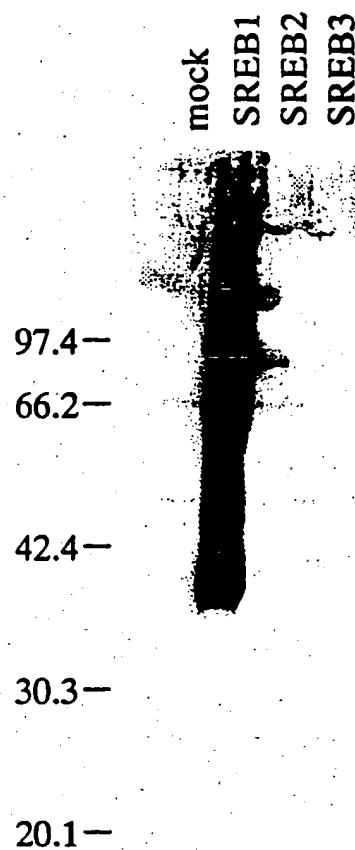
9/10

9



anti-3LO

10



anti-C24

10/10

図11

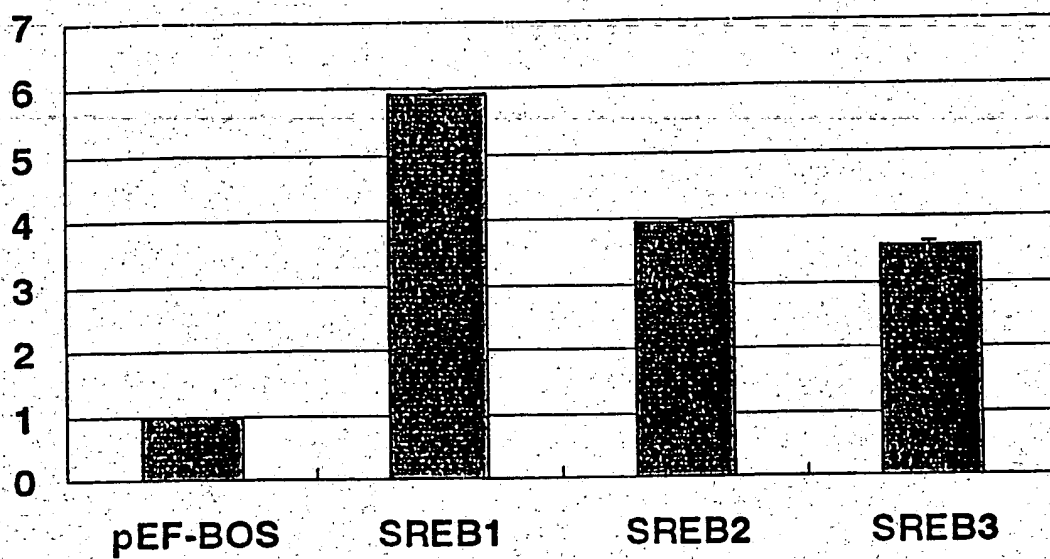
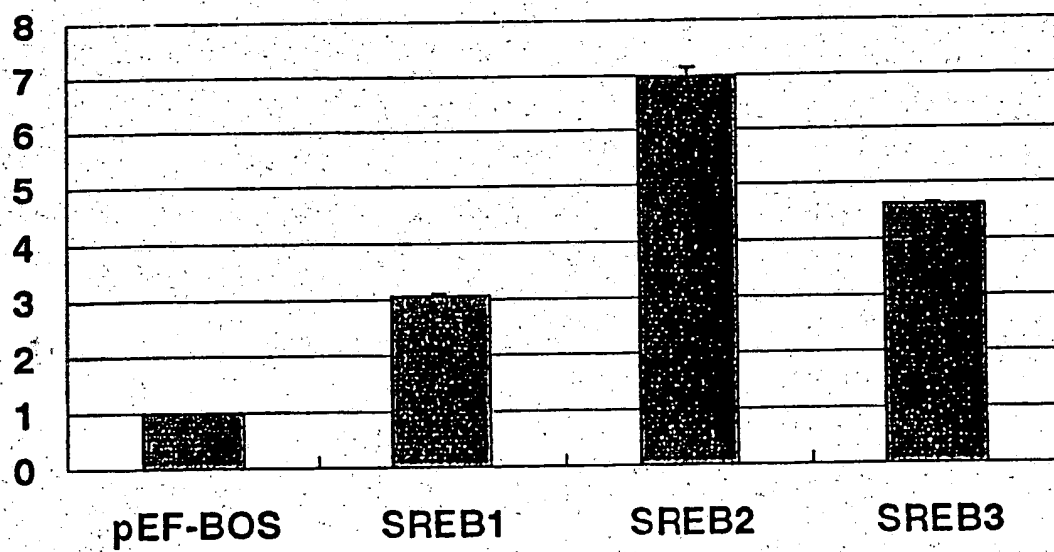


図12



1/24

SEQUENCE LIST

<110> Yamanouchi Pharmaceutical Co., Ltd.

<120> A novel G protein coupled receptor protein

<130> Y9905-PCT

<150> JP P1998-060245

<151> 1998-03-12

<150> JP P1999-026774

<151> 1999-02-03

<160> 26

<170> PatentIn Ver. 2.0

<210> 1

<211> 1128

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1125)

<223> SREB1

<400> 1

atg gcg aac gcg agc gag ccg ggt ggc agc ggc ggc ggc gag gcg gcc	48
Met Ala Asn Ala Ser Glu Pro Gly Gly Ser Gly Gly Gly Glu Ala Ala	
1 5 10 15	

gcc ctg ggc ctc aag ctg gcc acg ctc agc ctg ctg ctg tgc gtg agc	96
Ala Leu Gly Leu Lys Leu Ala Thr Leu Ser Leu Leu Leu Cys Val Ser	
20 25 30	

cta gcg ggc aac gtg ctg ttc gcg ctg ctg atc gtg cgg gag cgc agc	144
Leu Ala Gly Asn Val Leu Phe Ala Leu Leu Ile Val Arg Glu Arg Ser	
35 40 45	

ctg cac cgc gcc ccg tac tac ctg ctg ctc gac ctg tgc ctg gcc gac	192
Leu His Arg Ala Pro Tyr Tyr Leu Leu Leu Asp Leu Cys Leu Ala Asp	
50 55 60	

ggg ctg cgc gcg ctc gcc tgc ctc ccg gcc gtc atg ctg gcg gcg cgg	240
Gly Leu Arg Ala Leu Ala Cys Leu Pro Ala Val Met Leu Ala Ala Arg	
65 70 75 80	

cgt gcg gcg gcc gcg gcg ggg gcg ccg ccg ggc gcg ctg ggc tgc aag	288
Arg Ala Ala Ala Ala Ala Gly Ala Pro Pro Gly Ala Leu Gly Cys Lys	
85 90 95	

ctg ctc gcc ttc ctg gcc gcg ctc ttc tgc ttc cac gcc gcc ttc ctg	336
Leu Leu Ala Phe Leu Ala Ala Leu Phe Cys Phe His Ala Ala Phe Leu	
100 105 110	

2/24

ctg ctg ggc gtg ggc gtc acc cgc tac ctg gcc atc gcg cac cac cgc	384
Leu Leu Gly Val Gly Val Thr Arg Tyr Leu Ala Ile Ala His His Arg	
115 120 125	
ttc tat gca gag cgc ctg gcc ggc tgg ccg tgc gcc gcc atg ctg gtg	432
Phe Tyr Ala Glu Arg Leu Ala Gly Trp Pro Cys Ala Ala Met Leu Val	
130 135 140	
tgc gcc gcc tgg gcg ctg gcg ctg gcc gcg gcc ttc ccg cca gtg ctg	480
Cys Ala Ala Trp Ala Leu Ala Leu Ala Ala Ala Phe Pro Pro Val Leu	
145 150 155 160	
gac ggc ggt ggc gac gac gag gac gcg ccg tgc gcc ctg gag cag cgg	528
Asp Gly Gly Gly Asp Asp Glu Asp Ala Pro Cys Ala Leu Glu Gln Arg	
165 170 175	
ccc gac ggc gcc ccc ggc gcg ctg ggc ttc ctg ctg ctg ctg gcc gtg	576
Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Leu Gly Phe Leu Leu Leu Leu Ala Val	
180 185 190	
gtg gtg ggc gcc acg cac ctc gtc tac ctc cgc ctg ctc ttc ttc atc	624
Val Val Gly Ala Thr His Leu Val Tyr Leu Arg Leu Leu Phe Phe Ile	
195 200 205	
cac gac cgc cgc aag atg cgg ccc gcg cgc ctg gtg ccc gcc gtc agc	672
His Asp Arg Arg Lys Met Arg Pro Ala Arg Leu Val Pro Ala Val Ser	
210 215 220	
cac gac tgg acc ttc cac ggc ccg ggc gcc acc ggc cag gcg gcc gcc	720
His Asp Trp Thr Phe His Gly Pro Gly Ala Thr Gly Gln Ala Ala Ala	
225 230 235 240	
aac tgg acg gcg ggc ttc ggc cgc ggg ccc acg ccg ccc gcg ctt gtg	768
Asn Trp Thr Ala Gly Phe Gly Arg Gly Pro Thr Pro Pro Ala Leu Val	
245 250 255	
ggc atc cgg ccc gca ggg ccg ggc cgc ggc gcg cgc cgc ctc ctc gtg	816
Gly Ile Arg Pro Ala Gly Pro Gly Arg Gly Ala Arg Arg Leu Leu Val	
260 265 270	
ctg gaa gaa ttc aag acg gag aag agg ctg tgc aag atg ttc tac gcc	864
Leu Glu Glu Phe Lys Thr Glu Lys Arg Leu Cys Lys Met Phe Tyr Ala	
275 280 285	
gtc acg ctg ctc ttc ctg ctc ctc tgg ggg ccc tac gtc gtg gcc agc	912
Val Thr Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Gly Pro Tyr Val Val Ala Ser	
290 295 300	
tac ctg cgg gtc ctg gtg cgg ccc ggc gcc gtc ccc cag gcc tac ctg	960
Tyr Leu Arg Val Leu Val Arg Pro Gly Ala Val Pro Gln Ala Tyr Leu	
305 310 315 320	
acg gcc tcc gtg tgg ctg acc ttc gcg cag gcc ggc atc aac ccc gtc	1008
Thr Ala Ser Val Trp Leu Thr Phe Ala Gln Ala Gly Ile Asn Pro Val	
325 330 335	

3/24

gtg tgc ttc ctc ttc aac agg gag ctg agg gac tgc ttc agg gcc cag 1056
 Val Cys Phe Leu Phe Asn Arg Glu Leu Arg Asp Cys Phe Arg Ala Gln
 340 345 350

ttc ccc tgc tgc cag agc ccc cgg acc acc cag gcg acc cat ccc tgc 1104
 Phe Pro Cys Cys Gln Ser Pro Arg Thr Thr Gln Ala Thr His Pro Cys
 355 360 365

gac ctg aaa ggc att ggt tta tga 1128
 Asp Leu Lys Gly Ile Gly Leu
 370 375

<210> 2
 <211> 375
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 2
 Met Ala Asn Ala Ser Glu Pro Gly Gly Ser Gly Gly Gly Glu Ala Ala
 1 5 10 15

Ala Leu Gly Leu Lys Leu Ala Thr Leu Ser Leu Leu Leu Cys Val Ser
 20 25 30

Leu Ala Gly Asn Val Leu Phe Ala Leu Leu Ile Val Arg Glu Arg Ser
 35 40 45

Leu His Arg Ala Pro Tyr Tyr Leu Leu Leu Asp Leu Cys Leu Ala Asp
 50 55 60

Gly Leu Arg Ala Leu Ala Cys Leu Pro Ala Val Met Leu Ala Ala Arg
 65 70 75 80

Arg Ala Ala Ala Ala Ala Gly Ala Pro Pro Gly Ala Leu Gly Cys Lys
 85 90 95

Leu Leu Ala Phe Leu Ala Ala Leu Phe Cys Phe His Ala Ala Phe Leu
 100 105 110

Leu Leu Gly Val Gly Val Thr Arg Tyr Leu Ala Ile Ala His His Arg
 115 120 125

Phe Tyr Ala Glu Arg Leu Ala Gly Trp Pro Cys Ala Ala Met Leu Val
 130 135 140

Cys Ala Ala Trp Ala Leu Ala Leu Ala Ala Ala Phe Pro Pro Val Leu
 145 150 155 160

Asp Gly Gly Gly Asp Asp Glu Asp Ala Pro Cys Ala Leu Glu Gln Arg
 165 170 175

Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Leu Gly Phe Leu Leu Leu Ala Val
 180 185 190

4/24

Val Val Gly Ala Thr His Leu Val Tyr Leu Arg Leu Leu Phe Phe Ile
195 200 205

His Asp Arg Arg Lys Met Arg Pro Ala Arg Leu Val Pro Ala Val Ser
210 215 220

His Asp Trp Thr Phe His Gly Pro Gly Ala Thr Gly Gln Ala Ala Ala
225 230 235 240

Asn Trp Thr Ala Gly Phe Gly Arg Gly Pro Thr Pro Pro Ala Leu Val
245 250 255

Gly Ile Arg Pro Ala Gly Pro Gly Arg Gly Ala Arg Arg Leu Leu Val
260 265 270

Leu Glu Glu Phe Lys Thr Glu Lys Arg Leu Cys Lys Met Phe Tyr Ala
275 280 285

Val Thr Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Gly Pro Tyr Val Val Ala Ser
290 295 300

Tyr Leu Arg Val Leu Val Arg Pro Gly Ala Val Pro Gln Ala Tyr Leu
305 310 315 320

Thr Ala Ser Val Trp Leu Thr Phe Ala Gln Ala Gly Ile Asn Pro Val
325 330 335

Val Cys Phe Leu Phe Asn Arg Glu Leu Arg Asp Cys Phe Arg Ala Gln
340 345 350

Phe Pro Cys Cys Gln Ser Pro Arg Thr Thr Gln Ala Thr His Pro Cys
355 360 365

Asp Leu Lys Gly Ile Gly Leu
370 375

<210> 3
<211> 1113
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1110)
<223> SREB2

<400> 3
atg gcg aac tat agc cat gca gct gac aac att ttg caa aat ctc tcg 48
Met Ala Asn Tyr Ser His Ala Ala Asp Asn Ile Leu Gln Asn Leu Ser
1 5 10 15

cct cta aca gcc ttt ctg aaa ctg act tcc ttg ggt ttc ata ata gga 96
Pro Leu Thr Ala Phe Leu Lys Leu Thr Ser Leu Gly Phe Ile Ile Gly
20 25 30

5/24

gtc agc gtg gtg ggc aac ctc ctg atc tcc att ttg cta gtg aaa gat Val Ser Val Val Gly Asn Leu Leu Ile Ser Ile Leu Leu Val Lys Asp 35 40 45	144
aag acc ttg cat aga gca cct tac tac ttc ctg ttg gat ctt tgc tgt Lys Thr Leu His Arg Ala Pro Tyr Tyr Phe Leu Leu Asp Leu Cys Cys 50 55 60	192
tca gat atc ctc aga tct gca att tgt ttc cca ttt gtg ttc aac tct Ser Asp Ile Leu Arg Ser Ala Ile Cys Phe Pro Phe Val Phe Asn Ser 65 70 75 80	240
gtc aaa aat ggc tct acc tgg act tat ggg act ctg act tgc aaa gtg Val Lys Asn Gly Ser Thr Trp Thr Tyr Gly Thr Leu Thr Cys Lys Val 85 90 95	288
att gcc ttt ctg ggg gtt ttg tcc tgt ttc cac act gct ttc atg ctc Ile Ala Phe Leu Gly Val Leu Ser Cys Phe His Thr Ala Phe Met Leu 100 105 110	336
ttc tgc atc agt gtc acc aga tac tta gct atc gcc cat cac cgc ttc Phe Cys Ile Ser Val Thr Arg Tyr Leu Ala Ile Ala His His Arg Phe 115 120 125	384
tat aca aag agg ctg acc ttt tgg acg tgt ctg gct gtg atc tgt atg Tyr Thr Lys Arg Leu Thr Phe Trp Thr Cys Leu Ala Val Ile Cys Met 130 135 140	432
gtg tgg act ctg tct gtg gcc atg gca ttt ccc ccg gtt tta gac gtg Val Trp Thr Leu Ser Val Ala Met Ala Phe Pro Pro Val Leu Asp Val 145 150 155 160	480
ggc act tac tca ttc att agg gag gaa gat caa tgc acc ttc caa cac Gly Thr Tyr Ser Phe Ile Arg Glu Glu Asp Gln Cys Thr Phe Gln His 165 170 175	528
cgc tcc ttc agg gct aat gat tcc tta gga ttt atg ctg ctt ctt gct Arg Ser Phe Arg Ala Asn Asp Ser Leu Gly Phe Met Leu Leu Leu Ala 180 185 190	576
ctc atc ctc cta gcc aca cag ctt gtc tac ctc aag ctg ata ttt ttc Leu Ile Leu Leu Ala Thr Gln Leu Val Tyr Leu Lys Leu Ile Phe Phe 195 200 205	624
gtc cac gat cga aga aaa atg aag cca gtc cag ttt gta gca gca gtc Val His Asp Arg Arg Lys Met Lys Pro Val Gln Phe Val Ala Ala Val 210 215 220	672
agc cag aac tgg act ttt cat ggt cct gga gcc agt ggc cag gca gct Ser Gln Asn Trp Thr Phe His Gly Pro Gly Ala Ser Gly Gln Ala Ala 225 230 235 240	720
gcc aat tgg cta gca gga ttt gga agg ggt ccc aca cca ccc acc ttg Ala Asn Trp Leu Ala Gly Phe Gly Arg Gly Pro Thr Pro Pro Thr Leu 245 250 255	768

ctg ggc atc agg caa aat gca aac acc aca ggc aga aga agg cta ttg 816
Leu Gly Ile Arg Gln Asn Ala Asn Thr Thr Gly Arg Arg Arg Leu Leu
260 265 270

gtc tta gac gag ttc aaa atg gag aaa aga atc agc aga atg ttc tat 864
Val Leu Asp Glu Phe Lys Met Glu Lys Arg Ile Ser Arg Met Phe Tyr
275 280 285

ata atg act ttt ctg ttt cta acc ttg tgg ggc ccc tac ctg gtg gcc 912
Ile Met Thr Phe Leu Phe Leu Thr Leu Trp Gly Pro Tyr Leu Val Ala
290 295 300

tgt tat tgg aga gtt ttt gca aga ggg cct gta gta cca ggg gga ttt 960
 Cys Tyr Trp Arg Val Phe Ala Arg Gly Pro Val Val Pro Gly Gly Phe
 305 310 315 320

cta aca gct gct gtc tgg atg agt ttt gcc caa gca gga atc aat cct 1008
Leu Thr Ala Ala Val Trp Met Ser Phe Ala Gln Ala Gly Ile Asn Pro
325 330 335

ttt gtc tgc att ttc tca aac agg gag ctg agg cgc tgt ttc agc aca 1056
Phe Val Cys Ile Phe Ser Asn Arg Glu Leu Arg Arg Cys Phe Ser Thr
340 345 350

acc ctt ctt tac tgc aga aaa tcc agg tta cca agg gaa cct tac tgt 1104
Thr Leu Leu Tyr Cys Arg Lys Ser Arg Leu Pro Arg Glu Pro Tyr Cys
355 360 365

```
gtt ata tga
Val Ile
370
```

<210> 4
<211> 370
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 4

Met Ala Asn Tyr Ser His Ala Ala Asp Asn Ile Leu Gln Asn Leu Ser
1 5 10 15

Pro Leu Thr Ala Phe Leu Lys Leu Thr Ser Leu Gly Phe Ile Ile Gly
20 25 30

Val Ser Val Val Gly Asn Leu Leu Ile Ser Ile Leu Leu Val Lys Asp
35 40 45

Lys Thr Leu His Arg Ala Pro Tyr Tyr Phe Leu Leu Asp Leu Cys Cys
50 55 60

Ser Asp Ile Leu Arg Ser Ala Ile Cys Phe Pro Phe Val Phe Asn Ser
65 70 75 80

Val Lys Asn Gly Ser Thr Trp Thr Tyr Gly Thr Leu Thr Cys Lys Val
85 90 95

7/24

Ile Ala Phe Leu Gly Val Leu Ser Cys Phe His Thr Ala Phe Met Leu
 100 105 110
 Phe Cys Ile Ser Val Thr Arg Tyr Leu Ala Ile Ala His His Arg Phe
 115 120 125
 Tyr Thr Lys Arg Leu Thr Phe Trp Thr Cys Leu Ala Val Ile Cys Met
 130 135 140
 Val Trp Thr Leu Ser Val Ala Met Ala Phe Pro Pro Val Leu Asp Val
 145 150 155 160
 Gly Thr Tyr Ser Phe Ile Arg Glu Glu Asp Gln Cys Thr Phe Gln His
 165 170 175
 Arg Ser Phe Arg Ala Asn Asp Ser Leu Gly Phe Met Leu Leu Leu Ala
 180 185 190
 Leu Ile Leu Leu Ala Thr Gln Leu Val Tyr Leu Lys Leu Ile Phe Phe
 195 200 205
 Val His Asp Arg Arg Lys Met Lys Pro Val Gln Phe Val Ala Ala Val
 210 215 220
 Ser Gln Asn Trp Thr Phe His Gly Pro Gly Ala Ser Gly Gln Ala Ala
 225 230 235 240
 Ala Asn Trp Leu Ala Gly Phe Gly Arg Gly Pro Thr Pro Pro Thr Leu
 245 250 255
 Leu Gly Ile Arg Gln Asn Ala Asn Thr Thr Gly Arg Arg Arg Leu Leu
 260 265 270
 Val Leu Asp Glu Phe Lys Met Glu Lys Arg Ile Ser Arg Met Phe Tyr
 275 280 285
 Ile Met Thr Phe Leu Phe Leu Thr Leu Trp Gly Pro Tyr Leu Val Ala
 290 295 300
 Cys Tyr Trp Arg Val Phe Ala Arg Gly Pro Val Val Pro Gly Gly Phe
 305 310 315 320
 Leu Thr Ala Ala Val Trp Met Ser Phe Ala Gln Ala Gly Ile Asn Pro
 325 330 335
 Phe Val Cys Ile Phe Ser Asn Arg Glu Leu Arg Arg Cys Phe Ser Thr
 340 345 350
 Thr Leu Leu Tyr Cys Arg Lys Ser Arg Leu Pro Arg Glu Pro Tyr Cys
 355 360 365
 Val Ile
 370

8/24

<210> 5
 <211> 1122
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (1).. (1119)
 <223> SREB3

<400> 5
 atg gcc aac act acc gga gag cct gag gag gtg agc ggc gct ctg tcc 48
 Met Ala Asn Thr Thr Gly Glu Pro Glu Glu Val Ser Gly Ala Leu Ser
 1 5 10 15
 cca ccg tcc gca tca gct tat gtg aag ctg gta ctg ctg gga ctg att 96
 Pro Pro Ser Ala Ser Ala Tyr Val Lys Leu Val Leu Leu Gly Leu Ile
 20 25 30
 atg tgc gtg agc ctg gcg ggt aac gcc atc ttg tcc ctg ctg gtg ctc 144
 Met Cys Val Ser Leu Ala Gly Asn Ala Ile Leu Ser Leu Leu Val Leu
 35 40 45
 aag gag cgt gcc ctg cac aag gct cct tac tac ttc ctg ctg gac ctg 192
 Lys Glu Arg Ala Leu His Lys Ala Pro Tyr Tyr Phe Leu Leu Asp Leu
 50 55 60
 tgc ctg gcc gat ggc ata cgc tct gcc gtc tgc ttc ccc ttt gtg ctg 240
 Cys Leu Ala Asp Gly Ile Arg Ser Ala Val Cys Phe Pro Phe Val Leu
 65 70 75 80
 gct tct gtg cgc cac ggc tct tca tgg acc ttc agt gca ctc agc tgc 288
 Ala Ser Val Arg His Gly Ser Ser Trp Thr Phe Ser Ala Leu Ser Cys
 85 90 95
 aag att gtg gcc ttt atg gcc gtg ctc ttt tgc ttc cat gcg gcc ttc 336
 Lys Ile Val Ala Phe Met Ala Val Leu Phe Cys Phe His Ala Ala Phe
 100 105 110
 atg ctg ttc tgc atc agc gtc acc cgc tac atg gcc atc gcc cac cac 384
 Met Leu Phe Cys Ile Ser Val Thr Arg Tyr Met Ala Ile Ala His His
 115 120 125
 cgc ttc tac gcc aag cgc atg aca ctc tgg aca tgc gcg gct gtc atc 432
 Arg Phe Tyr Ala Lys Arg Met Thr Leu Trp Thr Cys Ala Ala Val Ile
 130 135 140
 tgc atg gcc tgg acc ctg tct gtg gcc atg gcc ttc cca cct gtc ttt 480
 Cys Met Ala Trp Thr Leu Ser Val Ala Met Ala Phe Pro Pro Val Phe
 145 150 155 160
 gac gtg ggc acc tac aag ttt att cgg gag gag gac cag tgc atc ttt 528
 Asp Val Gly Thr Tyr Lys Phe Ile Arg Glu Glu Asp Gln Cys Ile Phe
 165 170 175
 gag cat cgc tac ttc aag gcc aat gac acg ctg ggc ttc atg ctt atg 576

9/24

Glu His Arg Tyr Phe Lys Ala Asn Asp Thr Leu Gly Phe Met Leu Met	
180 185 190	
ttg gct gtg ctc atg gca gct acc cat gct gtc tac ggc aag ctg ctc	624
Leu Ala Val Leu Met Ala Ala Thr His Ala Val Tyr Gly Lys Leu Leu	
195 200 205	
ctc ttc gag tat cgt cac cgc aag atg aag cca gtg cag atg gtg cca	672
Leu Phe Glu Tyr Arg His Arg Lys Met Lys Pro Val Gln Met Val Pro	
210 215 220	
gcc atc agc cag aac tgg aca ttc cat ggt ccc ggg gcc acc ggc cag	720
Ala Ile Ser Gln Asn Trp Thr Phe His Gly Pro Gly Ala Thr Gly Gln	
225 230 235 240	
gct gct gcc aac tgg atc gcc ggc ttt ggc cgt ggg ccc atg cca cca	768
Ala Ala Ala Asn Trp Ile Ala Gly Phe Gly Arg Gly Pro Met Pro Pro	
245 250 255	
acc ctg ctg ggt atc cgg cag aat ggg cat gca gcc agc cgg cgg cta	816
Thr Leu Leu Gly Ile Arg Gln Asn Gly His Ala Ala Ser Arg Arg Leu	
260 265 270	
ctg ggc atg gac gag gtc aag ggt gaa aag cag ctg ggc cgc atg ttc	864
Leu Gly Met Asp Glu Val Lys Gly Glu Lys Gln Leu Gly Arg Met Phe	
275 280 285	
tac gcg atc aca ctg ctc ttt ctg ctc ctc tgg tca ccc tac atc gtg	912
Tyr Ala Ile Thr Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Ser Pro Tyr Ile Val	
290 295 300	
gcc tgc tac tgg cga gtg ttt gtg aaa gcc tgt gct gtg ccc cac cgc	960
Ala Cys Tyr Trp Arg Val Phe Val Lys Ala Cys Ala Val Pro His Arg	
305 310 315 320	
tac ctg gcc act gct gtt tgg atg agc ttc gcc cag gct gcc gtc aac	1008
Tyr Leu Ala Thr Ala Val Trp Met Ser Phe Ala Gln Ala Ala Val Asn	
325 330 335	
cca att gtc tgc ttc ctg ctc aac aag gac ctc aag aag tgc ctg agg	1056
Pro Ile Val Cys Phe Leu Leu Asn Lys Asp Leu Lys Lys Cys Leu Arg	
340 345 350	
act cac gcc ccc tgc tgg ggc aca gga ggt gcc ccg gct ccc aga gaa	1104
Thr His Ala Pro Cys Trp Gly Thr Gly Gly Ala Pro Ala Pro Arg Glu	
355 360 365	
ccc tac tgt gtc atg tga	1122
Pro Tyr Cys Val Met	
370	

<210> 6

<211> 373

<212> PRT

<213> Homo sapiens

10/24

<400> 6

Met Ala Asn Thr Thr Gly Glu Pro Glu Glu Val Ser Gly Ala Leu Ser
 1 5 10 15

Pro Pro Ser Ala Ser Ala Tyr Val Lys Leu Val Leu Leu Gly Leu Ile
 20 25 30

Met Cys Val Ser Leu Ala Gly Asn Ala Ile Leu Ser Leu Leu Val Leu
 35 40 45

Lys Glu Arg Ala Leu His Lys Ala Pro Tyr Tyr Phe Leu Leu Asp Leu
 50 55 60

Cys Leu Ala Asp Gly Ile Arg Ser Ala Val Cys Phe Pro Phe Val Leu
 65 70 75 80

Ala Ser Val Arg His Gly Ser Ser Trp Thr Phe Ser Ala Leu Ser Cys
 85 90 95

Lys Ile Val Ala Phe Met Ala Val Leu Phe Cys Phe His Ala Ala Phe
 100 105 110

Met Leu Phe Cys Ile Ser Val Thr Arg Tyr Met Ala Ile Ala His His
 115 120 125

Arg Phe Tyr Ala Lys Arg Met Thr Leu Trp Thr Cys Ala Ala Val Ile
 130 135 140

Cys Met Ala Trp Thr Leu Ser Val Ala Met Ala Phe Pro Pro Val Phe
 145 150 155 160

Asp Val Gly Thr Tyr Lys Phe Ile Arg Glu Glu Asp Gln Cys Ile Phe
 165 170 175

Glu His Arg Tyr Phe Lys Ala Asn Asp Thr Leu Gly Phe Met Leu Met
 180 185 190

Leu Ala Val Leu Met Ala Ala Thr His Ala Val Tyr Gly Lys Leu Leu
 195 200 205

Leu Phe Glu Tyr Arg His Arg Lys Met Lys Pro Val Gln Met Val Pro
 210 215 220

Ala Ile Ser Gln Asn Trp Thr Phe His Gly Pro Gly Ala Thr Gly Gln
 225 230 235 240

Ala Ala Ala Asn Trp Ile Ala Gly Phe Gly Arg Gly Pro Met Pro Pro
 245 250 255

Thr Leu Leu Gly Ile Arg Gln Asn Gly His Ala Ala Ser Arg Arg Leu
 260 265 270

Leu Gly Met Asp Glu Val Lys Gly Glu Lys Gln Leu Gly Arg Met Phe
 275 280 285

11/24

Tyr Ala Ile Thr Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Ser Pro Tyr Ile Val
 290 295 300

Ala Cys Tyr Trp Arg Val Phe Val Lys Ala Cys Ala Val Pro His Arg
 305 310 315 320

Tyr Leu Ala Thr Ala Val Trp Met Ser Phe Ala Gln Ala Ala Val Asn
 325 330 335

Pro Ile Val Cys Phe Leu Leu Asn Lys Asp Leu Lys Lys Cys Leu Arg
 340 345 350

Thr His Ala Pro Cys Trp Gly Thr Gly Gly Ala Pro Ala Pro Arg Glu
 355 360 365

Pro Tyr Cys Val Met
 370

<210> 7
 <211> 31
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Description of Artificial Sequence:Forward primer

<400> 7
 aaaatctaga cgcatggcg aacgcgagcg a 31

<210> 8
 <211> 31
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Description of Artificial Sequence:reverse primer

<400> 8
 aaaatctaga gtctatgtg cggggcctcc c 31

<210> 9
 <211> 34
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Description of Artificial Sequence:Forward primer

<400> 9
 aaaatctaga tctatggcga actatagcca tgca 34

<210> 10

12/24

<211> 35
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence:reverse primer

<400> 10
aaaatctaga aaggctaaag atttacagat gctcc 35

<210> 11
<211> 33
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence:Forward primer

<400> 11
aaaatctaga gtatggccaa cactaccgga gag 33

<210> 12
<211> 31
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence:reverse primer

<400> 12
aaaatctaga cctgtctgcc taccagcctg c 31

<210> 13
<211> 36
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence:FLAG epitope

<400> 13
atggactaca aggacgacga tgacaagggg atcctg 36

<210> 14
<211> 12
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence:FLAG epitope

<400> 14

13/24

Met Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Lys Gly Ile Leu
1 5 10

<210> 15
<211> 32
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence:Forward primer

<400> 15
aaaatctaga cggcgatggc gaacgctagt ga 32

<210> 16
<211> 33
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence:reverse primer

<400> 16
aaaatctaga cactttgaga gtcttgtaa ggc 33

<210> 17
<211> 33
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence:Forward primer

<400> 17
aaaatctaga tctatggcga actatagcca tgc 33

<210> 18
<211> 35
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence:Forward primer

<400> 18
aaaatctaga aaggctaaag attacagat gctcc 35

<210> 19
<211> 34
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

14/24

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:reverse primer

<400> 19

aaaatctaga caaatactga actggccgat cccc 34

<210> 20

<211> 34

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:reverse primer

<400> 20

aaaatctaga tgttggcccc agtatggtga tcat 34

<210> 21

<211> 1134

<212> DNA

<213> Rattus sp.

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1131)

<223> Rat SREB1

<400> 21

atg	gcg	aac	gct	agt	gag	ccg	ggc	ggc	ggc	ggc	ggc	ggg	gcc	gag	gct	48
Met	Ala	Asn	Ala	Ser	Glu	Pro	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Ala	Glu	Ala	
1				5					10					15		

gcc	gcg	ctg	ggc	ctc	agg	ctg	gcc	aca	ctc	agc	ctg	ctg	ctg	tgc	gtg	96
Ala	Ala	Leu	Gly	Leu	Arg	Leu	Ala	Thr	Leu	Ser	Leu	Leu	Leu	Cys	Val	
		20					25						30			

agc	ctg	gcg	ggc	aac	gtg	ctg	ttc	gct	ctg	ctc	atc	gtg	agg	gag	cgc	144
Ser	Leu	Ala	Gly	Asn	Val	Leu	Phe	Ala	Leu	Leu	Ile	Val	Arg	Glu	Arg	
		35					40					45				

agc	ctg	cac	cgc	gcg	cct	tac	tac	ctg	ctg	ctc	gac	ctg	tgc	ctg	gcc	192
Ser	Leu	His	Arg	Ala	Pro	Tyr	Tyr	Leu	Leu	Leu	Asp	Leu	Cys	Leu	Ala	
		50				55					60					

gac	ggg	ctg	cgc	gcg	ctc	gcc	tgt	ctc	ccg	gcc	gtc	atg	ctg	gct	gcg	240
Asp	Gly	Leu	Arg	Ala	Leu	Ala	Cys	Leu	Pro	Ala	Val	Met	Leu	Ala	Ala	
65					70					75				80		

cgg	cgc	gcg	gca	gcc	gcg	gcg	ggg	acg	cct	ccg	ggg	gcg	ctg	ggc	tgc	288
Arg	Arg	Ala	Ala	Ala	Ala	Ala	Gly	Thr	Pro	Pro	Gly	Ala	Leu	Gly	Cys	
			85					90						95		

aag	ctg	ctg	gcc	ttc	ctg	gcc	gcg	ctc	ttc	tgc	ttc	cac	gcg	gcc	ttc	336
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

15/24

Lys Leu Leu Ala Phe Leu Ala Ala Leu Phe Cys Phe His Ala Ala Phe	
100 105 110	
ctg ctg ctg ggc gtg ggc gtc acc cgc tac ctg gcc atc gct cac cac	384
Leu Leu Leu Gly Val Gly Val Thr Arg Tyr Leu Ala Ile Ala His His	
115 120 125	
cgc ttc tat gcc gag cgc ctg gcc ggc tgg ccg tgc gcc gcg atg ctg	432
Arg Phe Tyr Ala Glu Arg Leu Ala Gly Trp Pro Cys Ala Ala Met Leu	
130 135 140	
gtg tgc gcc gcc tgg gcg ctg gct ttg gcc gcg gcc ttc ccg ccg gtg	480
Val Cys Ala Ala Trp Ala Leu Ala Leu Ala Ala Ala Phe Pro Pro Val	
145 150 155 160	
ctg gac ggc ggt ggc gcg gac gac gag gat gcg ccg tgc gcc ctg gag	528
Leu Asp Gly Gly Gly Ala Asp Asp Glu Asp Ala Pro Cys Ala Leu Glu	
165 170 175	
cag cgg ccc gac ggc gcc ccg ggt gcg cta ggc ttc ctg ctg ctc ctg	576
Gln Arg Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Leu Gly Phe Leu Leu Leu Leu	
180 185 190	
gcc gcg gtg gtg ggc gcc acg cac ctc gtc tac ctt cgc ctg ctc ttc	624
Ala Ala Val Val Gly Ala Thr His Leu Val Tyr Leu Arg Leu Leu Phe	
195 200 205	
ttc atc cac gac cgc gcg aag atg cgg ccc gca cgc ctg gtg ccc gcc	672
Phe Ile His Asp Arg Arg Lys Met Arg Pro Ala Arg Leu Val Pro Ala	
210 215 220	
gtc agc cac gac tgg acc ttc cac ggc ccg ggc gcc acc ggt caa gcg	720
Val Ser His Asp Trp Thr Phe His Gly Pro Gly Ala Thr Gly Gln Ala	
225 230 235 240	
gcc gcc aac tgg acg gcg ggc ttc ggc cgc ggg ccc acg cca cct gcg	768
Ala Ala Asn Trp Thr Ala Gly Phe Gly Arg Gly Pro Thr Pro Pro Ala	
245 250 255	
ctc gtg ggc atc agg cct gca ggc ccg ggc cgc gga gcc ccg cgc ctc	816
Leu Val Gly Ile Arg Pro Ala Gly Pro Gly Arg Gly Ala Arg Arg Leu	
260 265 270	
ctg gtg ctg gag gaa ttc aag acg gag aag agg ctg tgc aag atg ttc	864
Leu Val Leu Glu Glu Phe Lys Thr Glu Lys Arg Leu Cys Lys Met Phe	
275 280 285	
tac gcc atc acg ctg ctc ttc ctg ctc ctc tgg ggg ccc tat gtg gtt	912
Tyr Ala Ile Thr Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Gly Pro Tyr Val Val	
290 295 300	
gcc agt tac ctg cgc gtc ctg gtg ccg ccc gga gct gtc ccg cag gcc	960
Ala Ser Tyr Leu Arg Val Leu Val Arg Pro Gly Ala Val Pro Gln Ala	
305 310 315 320	
tac ctg aca gcc tgc gtg tgg ctg aca ttc gca cag gcc ggc atc aac	1008

16/24

Tyr Leu Thr Ala Ser Val Trp Leu Thr Phe Ala Gln Ala Gly Ile Asn
 325 330 335
 ccc gtg gtg tgt ttc ctc ttc aac cgg gag ctg agg gac tgt ttc aga 1056
 Pro Val Val Cys Phe Leu Phe Asn Arg Glu Leu Arg Asp Cys Phe Arg
 340 345 350
 gcc cag ttc ccc tgt tgc cag agc ccc cag gcc acg cag gcc acc ctc 1104
 Ala Gln Phe Pro Cys Cys Gln Ser Pro Gln Ala Thr Gln Ala Thr Leu
 355 360 365
 ccc tgc gac ctg aaa ggc att ggt ttg tga 1134
 Pro Cys Asp Leu Lys Gly Ile Gly Leu
 370 375

<210> 22
 <211> 377
 <212> PRT
 <213> Rattus sp.

<400> 22
 Met Ala Asn Ala Ser Glu Pro Gly Gly Gly Gly Gly Ala Glu Ala
 1 5 10 15
 Ala Ala Leu Gly Leu Arg Leu Ala Thr Leu Ser Leu Leu Leu Cys Val
 20 25 30
 Ser Leu Ala Gly Asn Val Leu Phe Ala Leu Leu Ile Val Arg Glu Arg
 35 40 45
 Ser Leu His Arg Ala Pro Tyr Tyr Leu Leu Leu Asp Leu Cys Leu Ala
 50 55 60
 Asp Gly Leu Arg Ala Leu Ala Cys Leu Pro Ala Val Met Leu Ala Ala
 65 70 75 80
 Arg Arg Ala Ala Ala Ala Ala Gly Thr Pro Pro Gly Ala Leu Gly Cys
 85 90 95
 Lys Leu Leu Ala Phe Leu Ala Ala Leu Phe Cys Phe His Ala Ala Phe
 100 105 110
 Leu Leu Leu Gly Val Gly Val Thr Arg Tyr Leu Ala Ile Ala His His
 115 120 125
 Arg Phe Tyr Ala Glu Arg Leu Ala Gly Trp Pro Cys Ala Ala Met Leu
 130 135 140
 Val Cys Ala Ala Trp Ala Leu Ala Leu Ala Ala Ala Phe Pro Pro Val
 145 150 155 160
 Leu Asp Gly Gly Gly Ala Asp Asp Glu Asp Ala Pro Cys Ala Leu Glu
 165 170 175
 Gln Arg Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Leu Gly Phe Leu Leu Leu

17/24

180	185	190
Ala Ala Val Val Gly Ala Thr His Leu Val Tyr Leu Arg Leu Leu Phe 195 200 205		
Phe Ile His Asp Arg Arg Lys Met Arg Pro Ala Arg Leu Val Pro Ala 210 215 220		
Val Ser His Asp Trp Thr Phe His Gly Pro Gly Ala Thr Gly Gln Ala 225 230 235 240		
Ala Ala Asn Trp Thr Ala Gly Phe Gly Arg Gly Pro Thr Pro Pro Ala 245 250 255		
Leu Val Gly Ile Arg Pro Ala Gly Pro Gly Arg Gly Ala Arg Arg Leu 260 265 270		
Leu Val Leu Glu Glu Phe Lys Thr Glu Lys Arg Leu Cys Lys Met Phe 275 280 285		
Tyr Ala Ile Thr Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Gly Pro Tyr Val Val 290 295 300		
Ala Ser Tyr Leu Arg Val Leu Val Arg Pro Gly Ala Val Pro Gln Ala 305 310 315 320		
Tyr Leu Thr Ala Ser Val Trp Leu Thr Phe Ala Gln Ala Gly Ile Asn 325 330 335		
Pro Val Val Cys Phe Leu Phe Asn Arg Glu Leu Arg Asp Cys Phe Arg 340 345 350		
Ala Gln Phe Pro Cys Cys Gln Ser Pro Gln Ala Thr Gln Ala Thr Leu 355 360 365		
Pro Cys Asp Leu Lys Gly Ile Gly Leu 370 375		

<210> 23
 <211> 1113
 <212> DNA
 <213> Rattus sp.

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1110)
 <223> Rat SREB2

<400> 23
 atg gcg aac tat agc cat gca gct gac aac att ttg caa aat ctc tcg 48
 Met Ala Asn Tyr Ser His Ala Ala Asp Asn Ile Leu Gln Asn Leu Ser
 1 5 10 15
 cct cta aca gcc ttt ctg aaa ctg act tcc ttg ggt ttc ata ata gga 96
 Pro Leu Thr Ala Phe Leu Lys Leu Thr Ser Leu Gly Phe Ile Ile Gly

18/24

20	25	30	
gtc agt gtg gtg ggc aac ctt ctg atc tcc att ttg cta gtg aaa gat	144		
Val Ser Val Val Gly Asn Leu Leu Ile Ser Ile Leu Leu Val Lys Asp			
35	40	45	
aag acc ttg cat aga gct cct tac tac ttc ctg ctg gat ctg tgc tgc	192		
Lys Thr Leu His Arg Ala Pro Tyr Tyr Phe Leu Leu Asp Leu Cys Cys			
50	55	60	
tca gac atc ctc aga tct gca att tgt ttt cca ttt gta ttc aac tct	240		
Ser Asp Ile Leu Arg Ser Ala Ile Cys Phe Pro Phe Val Phe Asn Ser			
65	70	75	80
gtc aaa aat ggc tct acc tgg act tac ggg act ctg act tgc aaa gtg	288		
Val Lys Asn Gly Ser Thr Trp Thr Tyr Gly Thr Leu Thr Cys Lys Val			
85	90	95	
att gcc ttt ctg ggg gtt ttg tcc tgt ttc cac act gcc ttc atg ctc	336		
Ile Ala Phe Leu Gly Val Leu Ser Cys Phe His Thr Ala Phe Met Leu			
100	105	110	
ttc tgc atc agc gtc acc aga tac tta gcc atc gcc cat cac cgc ttc	384		
Phe Cys Ile Ser Val Thr Arg Tyr Leu Ala Ile Ala His His Arg Phe			
115	120	125	
tat aca aag agg ctg acc ttt tgg acg tgt ttg gct gtg atc tgc atg	432		
Tyr Thr Lys Arg Leu Thr Phe Trp Thr Cys Leu Ala Val Ile Cys Met			
130	135	140	
gtg tgg act ctg tct gtg gcc atg gca ttt ccc cca gtt tta gat gta	480		
Val Trp Thr Leu Ser Val Ala Met Ala Phe Pro Pro Val Leu Asp Val			
145	150	155	160
ggc acc tac tca ttc att agg gag gag gat cag tgt acc ttc caa cac	528		
Gly Thr Tyr Ser Phe Ile Arg Glu Glu Asp Gln Cys Thr Phe Gln His			
165	170	175	
cgc tcc ttc agg gct aac gat tcc cta gga ttt atg ctg ctc ctt gct	576		
Arg Ser Phe Arg Ala Asn Asp Ser Leu Gly Phe Met Leu Leu Leu Ala			
180	185	190	
ctc atc ctc cta gcc aca cag ctt gtc tac ctc aag ctg ata ttt ttt	624		
Leu Ile Leu Leu Ala Thr Gln Leu Val Tyr Leu Lys Leu Ile Phe Phe			
195	200	205	
gtc cac gat cga agg aaa atg aag cca gtc cag ttt gta gca gca gtg	672		
Val His Asp Arg Arg Lys Met Lys Pro Val Gln Phe Val Ala Ala Val			
210	215	220	
agt cag aac tgg acc ttt cat ggc cct gga gct agt ggc cag gca gct	720		
Ser Gln Asn Trp Thr Phe His Gly Pro Gly Ala Ser Gly Gln Ala Ala			
225	230	235	240
gcc aat tgg cta gca gga ttt gga agg ggt ccc aca cca ccc acc ttg	768		
Ala Asn Trp Leu Ala Gly Phe Gly Arg Gly Pro Thr Pro Pro Thr Leu			

19/24

245	250	255	
ctg ggc atc agg caa aat gcg aat acc aca ggc aga aga cgg ctc ttg Leu Gly Ile Arg Gln Asn Ala Asn Thr Thr Gly Arg Arg Arg Leu Leu 260 265 270			816
gtt ttg gat gag ttc aaa atg gag aaa aga atc agc aga atg ttc tat Val Leu Asp Glu Phe Lys Met Glu Lys Arg Ile Ser Arg Met Phe Tyr 275 280 285			864
ata atg act ttc ctc ttc cta acc ttg tgg ggt ccc tac ctg gtg gcc Ile Met Thr Phe Leu Phe Leu Thr Leu Trp Gly Pro Tyr Leu Val Ala 290 295 300			912
tgc tat tgg aga gtt ttt gca aga ggg cct gta gta cca ggg gga ttt Cys Tyr Trp Arg Val Phe Ala Arg Gly Pro Val Val Pro Gly Gly Phe 305 310 315 320			960
cta aca gcc gct gtc tgg atg agt ttc gcc caa gca gga atc aat ccc Leu Thr Ala Ala Val Trp Met Ser Phe Ala Gln Ala Gly Ile Asn Pro 325 330 335			1008
ttt gtc tgc att ttc tcc aac agg gag ctg agg cgc tgt ttc agc aca Phe Val Cys Ile Phe Ser Asn Arg Glu Leu Arg Arg Cys Phe Ser Thr 340 345 350			1056
acc ctt ctt tac tgc aga aaa tcc agg tta cca agg gaa cct tac tgt Thr Leu Leu Tyr Cys Arg Lys Ser Arg Leu Pro Arg Glu Pro Tyr Cys 355 360 365			1104
gtt ata tga Val Ile 370			1113

<210> 24
 <211> 370
 <212> PRT
 <213> Rattus sp.

<400> 24
 Met Ala Asn Tyr Ser His Ala Ala Asp Asn Ile Leu Gln Asn Leu Ser
 1 5 10 15
 Pro Leu Thr Ala Phe Leu Lys Leu Thr Ser Leu Gly Phe Ile Ile Gly
 20 25 30
 Val Ser Val Val Gly Asn Leu Leu Ile Ser Ile Leu Leu Val Lys Asp
 35 40 45
 Lys Thr Leu His Arg Ala Pro Tyr Tyr Phe Leu Leu Asp Leu Cys Cys
 50 55 60
 Ser Asp Ile Leu Arg Ser Ala Ile Cys Phe Pro Phe Val Phe Asn Ser
 65 70 75 80

20/24

Val Lys Asn Gly Ser Thr Trp Thr Tyr Gly Thr Leu Thr Cys Lys Val
 85 90 95

Ile Ala Phe Leu Gly Val Leu Ser Cys Phe His Thr Ala Phe Met Leu
 100 105 110

Phe Cys Ile Ser Val Thr Arg Tyr Leu Ala Ile Ala His His Arg Phe
 115 120 125

Tyr Thr Lys Arg Leu Thr Phe Trp Thr Cys Leu Ala Val Ile Cys Met
 130 135 140

Val Trp Thr Leu Ser Val Ala Met Ala Phe Pro Pro Val Leu Asp Val
 145 150 155 160

Gly Thr Tyr Ser Phe Ile Arg Glu Glu Asp Gln Cys Thr Phe Gln His
 165 170 175

Arg Ser Phe Arg Ala Asn Asp Ser Leu Gly Phe Met Leu Leu Leu Ala
 180 185 190

Leu Ile Leu Leu Ala Thr Gln Leu Val Tyr Leu Lys Leu Ile Phe Phe
 195 200 205

Val His Asp Arg Arg Lys Met Lys Pro Val Gln Phe Val Ala Ala Val
 210 215 220

Ser Gln Asn Trp Thr Phe His Gly Pro Gly Ala Ser Gly Gln Ala Ala
 225 230 235 240

Ala Asn Trp Leu Ala Gly Phe Gly Arg Gly Pro Thr Pro Pro Thr Leu
 245 250 255

Leu Gly Ile Arg Gln Asn Ala Asn Thr Thr Gly Arg Arg Arg Leu Leu
 260 265 270

Val Leu Asp Glu Phe Lys Met Glu Lys Arg Ile Ser Arg Met Phe Tyr
 275 280 285

Ile Met Thr Phe Leu Phe Leu Thr Leu Trp Gly Pro Tyr Leu Val Ala
 290 295 300

Cys Tyr Trp Arg Val Phe Ala Arg Gly Pro Val Val Pro Gly Gly Phe
 305 310 315 320

Leu Thr Ala Ala Val Trp Met Ser Phe Ala Gln Ala Gly Ile Asn Pro
 325 330 335

Phe Val Cys Ile Phe Ser Asn Arg Glu Leu Arg Arg Cys Phe Ser Thr
 340 345 350

Thr Leu Leu Tyr Cys Arg Lys Ser Arg Leu Pro Arg Glu Pro Tyr Cys
 355 360 365

Val Ile
 370

21/24

<210> 25
 <211> 1122
 <212> DNA
 <213> Rat coronavirus

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1119)
 <223> Rat SREB3

<400> 25
 atg gcc aac acc acc gga gag ccc gaa gag gtg agc ggc gca ctg tcc 48
 Met Ala Asn Thr Thr Gly Glu Pro Glu Glu Val Ser Gly Ala Leu Ser
 1 5 10 15

ctg cca tca gca tgc gct tat gtg aag ctg gtg ctg ctg gga ctg atc 96
 Leu Pro Ser Ala Ser Ala Tyr Val Lys Leu Val Leu Leu Gly Leu Ile
 20 25 30

atg tgt gta agc ctg gca ggc aat gcc atc ttg tcc ctg ctg gtg ctc 144
 Met Cys Val Ser Leu Ala Gly Asn Ala Ile Leu Ser Leu Leu Val Leu
 35 40 45

aag gag cgt gcc ctg cac aag gct cct tac tac ttt ctg ctg gac ctg 192
 Lys Glu Arg Ala Leu His Lys Ala Pro Tyr Tyr Phe Leu Leu Asp Leu
 50 55 60

tgc cta gcc gat ggc ata cgc tct gcc atc tgc ttc ccc ttt gta ctg 240
 Cys Leu Ala Asp Gly Ile Arg Ser Ala Ile Cys Phe Pro Phe Val Leu
 65 70 75 80

gct tct gtg cgc cat ggc tcc tgc tgg acc ttc agt gca ctc agc tgt 288
 Ala Ser Val Arg His Gly Ser Ser Trp Thr Phe Ser Ala Leu Ser Cys
 85 90 95

aag att gtg gcc ttt atg gct gtg ctc ttt tgc ttc cat gcg gcc ttc 336
 Lys Ile Val Ala Phe Met Ala Val Leu Phe Cys Phe His Ala Ala Phe
 100 105 110

atg ctg ttc tgc atc agc gtc acc cgc tac atg gcc atc gcc cac cac 384
 Met Leu Phe Cys Ile Ser Val Thr Arg Tyr Met Ala Ile Ala His His
 115 120 125

cgc ttc tat gcc aag cgc atg aca ctc tgg aca tgc gca gct gtc atc 432
 Arg Phe Tyr Ala Lys Arg Met Thr Leu Trp Thr Cys Ala Ala Val Ile
 130 135 140

tgc atg gcc tgg acc ttg tct gtg gcc atg gct ttc cca cct gtc ttt 480
 Cys Met Ala Trp Thr Leu Ser Val Ala Met Ala Phe Pro Pro Val Phe
 145 150 155 160

gat gtg ggc acc tac aag ttt atc cga gag gag gac cag tgc atc ttt 528
 Asp Val Gly Thr Tyr Lys Phe Ile Arg Glu Glu Asp Gln Cys Ile Phe
 165 170 175

22/24

gag cat cgc tac ttc aaa gca aat gac act ctg ggc ttt atg ctt atg 576
 Glu His Arg Tyr Phe Lys Ala Asn Asp Thr Leu Gly Phe Met Leu Met
 180 185 190

ttg gct gtg ctc atg gca gcc aca cat gct gtc tat ggc aag ctg cta 624
 Leu Ala Val Leu Met Ala Ala Thr His Ala Val Tyr Gly Lys Leu Leu
 195 200 205

ctc ttc gag tat cgt cac cgc aag atg aag cca gtg cag atg gtg ccc 672
 Leu Phe Glu Tyr Arg His Arg Lys Met Lys Pro Val Gln Met Val Pro
 210 215 220

gcc atc agc caa aac tgg aca ttc cat ggc cct ggg gct acc ggc cag 720
 Ala Ile Ser Gln Asn Trp Thr Phe His Gly Pro Gly Ala Thr Gly Gln
 225 230 235 240

gct gct gcc aac tgg atc gct ggc ttt ggc cgt ggg ccc atg cca cca 768
 Ala Ala Ala Asn Trp Ile Ala Gly Phe Gly Arg Gly Pro Met Pro Pro
 245 250 255

act ctg ctg ggt atc cgg cag aat ggg cat gca gct agc cgg cgg cta 816
 Thr Leu Leu Gly Ile Arg Gln Asn Gly His Ala Ala Ser Arg Arg Leu
 260 265 270

ctg ggc atg gac gag gtc aag ggt gaa aag cag ctg ggc cga atg ttc 864
 Leu Gly Met Asp Glu Val Lys Gly Glu Lys Gln Leu Gly Arg Met Phe
 275 280 285

tac gcg att aca ctg ctc ttc ctg ctc ctc tgg tca cca tac att gtg 912
 Tyr Ala Ile Thr Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Ser Pro Tyr Ile Val
 290 295 300

gcc tgc tac tgg cga gtg ttt gtg aaa gcc tgc gct gtg ccc cac cgc 960
 Ala Cys Tyr Trp Arg Val Phe Val Lys Ala Cys Ala Val Pro His Arg
 305 310 315 320

tac ctg gcc act gct gtt tgg atg agc ttc gcc cag gct gct gtc aac 1008
 Tyr Leu Ala Thr Ala Val Trp Met Ser Phe Ala Gln Ala Ala Val Asn
 325 330 335

cca atc gtc tgc ttc ctg ctt aac aag gac ctc aag aag tgc ctg agg 1056
 Pro Ile Val Cys Phe Leu Leu Asn Lys Asp Leu Lys Lys Cys Leu Arg
 340 345 350

act cat gcc cct tgc tgg ggc aca gga ggt gcc cca gct ccc aga gaa 1104
 Thr His Ala Pro Cys Trp Gly Thr Gly Gly Ala Pro Ala Pro Arg Glu
 355 360 365

ccc tac tgt gtc atg tga 1122
 Pro Tyr Cys Val Met
 370

23/24

<212> PRT

<213> Rat coronavirus

<400> 26

Met Ala Asn Thr Thr Gly Glu Pro Glu Glu Val Ser Gly Ala Leu Ser
 1 5 10 15

Leu Pro Ser Ala Ser Ala Tyr Val Lys Leu Val Leu Leu Gly Leu Ile
 20 25 30

Met Cys Val Ser Leu Ala Gly Asn Ala Ile Leu Ser Leu Leu Val Leu
 35 40 45

Lys Glu Arg Ala Leu His Lys Ala Pro Tyr Tyr Phe Leu Leu Asp Leu
 50 55 60

Cys Leu Ala Asp Gly Ile Arg Ser Ala Ile Cys Phe Pro Phe Val Leu
 65 70 75 80

Ala Ser Val Arg His Gly Ser Ser Trp Thr Phe Ser Ala Leu Ser Cys
 85 90 95

Lys Ile Val Ala Phe Met Ala Val Leu Phe Cys Phe His Ala Ala Phe
 100 105 110

Met Leu Phe Cys Ile Ser Val Thr Arg Tyr Met Ala Ile Ala His His
 115 120 125

Arg Phe Tyr Ala Lys Arg Met Thr Leu Trp Thr Cys Ala Ala Val Ile
 130 135 140

Cys Met Ala Trp Thr Leu Ser Val Ala Met Ala Phe Pro Pro Val Phe
 145 150 155 160

Asp Val Gly Thr Tyr Lys Phe Ile Arg Glu Glu Asp Gln Cys Ile Phe
 165 170 175

Glu His Arg Tyr Phe Lys Ala Asn Asp Thr Leu Gly Phe Met Leu Met
 180 185 190

Leu Ala Val Leu Met Ala Ala Thr His Ala Val Tyr Gly Lys Leu Leu
 195 200 205

Leu Phe Glu Tyr Arg His Arg Lys Met Lys Pro Val Gln Met Val Pro
 210 215 220

Ala Ile Ser Gln Asn Trp Thr Phe His Gly Pro Gly Ala Thr Gly Gln
 225 230 235 240

Ala Ala Ala Asn Trp Ile Ala Gly Phe Gly Arg Gly Pro Met Pro Pro
 245 250 255

Thr Leu Leu Gly Ile Arg Gln Asn Gly His Ala Ala Ser Arg Arg Leu
 260 265 270

Leu Gly Met Asp Glu Val Lys Gly Glu Lys Gln Leu Gly Arg Met Phe

24/24

275

280

285

Tyr Ala Ile Thr Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Ser Pro Tyr Ile Val
290 295 300

Ala Cys Tyr Trp Arg Val Phe Val Lys Ala Cys Ala Val Pro His Arg
305 310 315 320

Tyr Leu Ala Thr Ala Val Trp Met Ser Phe Ala Gln Ala Ala Val Asn
325 330 335

Pro Ile Val Cys Phe Leu Leu Asn Lys Asp Leu Lys Lys Cys Leu Arg
340 345 350

Thr His Ala Pro Cys Trp Gly Thr Gly Gly Ala Pro Ala Pro Arg Glu
355 360 365

Pro Tyr Cys Val Met
370

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP99/01191

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

Int.Cl⁶ C12N15/12, C07K14/705, C12P21/02, C07K16/28

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

Int.Cl⁶ C12N15/12, C07K14/705, C12P21/02, C07K16/28

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)
Genbank/EMBL/DDBJ/GeneSeq

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	US, 5508384, A (Univ. New York State), 16 April, 1996 (16. 04. 96) (Family: none)	1-8
A	The Journal of Neuroscience Vol. 16 No. 12 (1996) Guoping Feng et al., "Cloning and functional characterization of a novel Dopamine receptor from <i>Drosophila melanogaster</i> " p.3925-3933	1-8
A	FEBS Letters Vol. 355 No. 3 (1994) Stephen Rees et al., "Cloning and characterisation of the human 5-HT _{2A} serotonin receptor" p.242-246	1-8

☐ Further documents are listed in the continuation of Box C.
 ☐ See patent family annex.

* Special categories of cited documents:	* later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
A document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance	*X* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
E earlier document but published on or after the international filing date	*Y* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art
L document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)	* & * document member of the same patent family
O document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means	
P document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed	

Date of the actual completion of the international search
15 June, 1999 (15. 06. 99)Date of mailing of the international search report
22 June, 1999 (22. 06. 99)Name and mailing address of the ISA/
Japanese Patent Office

Authorized officer

Facsimile No.

Telephone No.

A. 発明の属する分野の分類 (国際特許分類 (IPC))

Int.Cl^o C12N 15/12, C07K 14/705, C12P 21/02, C07K 16/28

B. 調査を行った分野

調査を行った最小限資料 (国際特許分類 (IPC))

Int.Cl^o C12N 15/12, C07K 14/705, C12P 21/02, C07K 16/28

最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの

国際調査で使用した電子データベース (データベースの名称、調査に使用した用語)

Genbank/EMBL/DDBJ/GeneSeq

C. 関連すると認められる文献

引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
A	US, 5508384, A (Univ. New York State) 16.4月.1996 (16.04.96) パテントファミリーなし	1-8
A	The Journal of Neuroscience Vol.16 No.12 (1996) Guoping Feng et al. "Cloning and functional characterization of a novel Dopamine receptor from <i>Drosophila melanogaster</i> " p. 3925-3933	1-8
A	FEBS Letters Vol.355 No.3 (1994) Stephen Rees et al. "Cloning and characterisation of the human 5-HT _{1A} serotonin receptor" p. 242-246	1-8

☐ C欄の続きにも文献が列挙されている。☐ パテントファミリーに関する別紙を参照。

* 引用文献のカテゴリー

「A」特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの

「E」国際出願日前の出願または特許であるが、国際出願日以後に公表されたもの

「L」優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献 (理由を付す)

「O」口頭による開示、使用、展示等に言及する文献

「P」国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願

の日の後に公表された文献

「T」国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの

「X」特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの

「Y」特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの

「&」同一パテントファミリー文献

国際調査を完了した日

15.06.99

国際調査報告の発送日

22.06.99

国際調査機関の名称及びあて先

日本国特許庁 (ISA/JP)

郵便番号100-8915

東京都千代田区霞が関三丁目4番3号

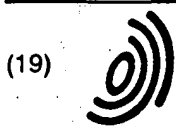
特許庁審査官 (権限のある職員)

小暮 道明

4B

9358

電話番号 03-3581-1101 内線 3448



(19)

Europäisches Patentamt

Eur pean Pat nt Offic

Offic européen des brevets



(11)

EP 1 067 183 A1

(12)

EUROPEAN PATENT APPLICATION

published in accordance with Art. 158(3) EPC

(43) Date of publication:
10.01.2001 Bulletin 2001/02

(51) Int. Cl.⁷: C12N 15/12, C07K 14/705,
C12P 21/02, C07K 16/28

(21) Application number: 99939146.9

(86) International application number:
PCT/JP99/01191

(22) Date of filing: 11.03.1999

(87) International publication number:
WO 99/46378 (16.09.1999 Gazette 1999/37)

(84) Designated Contracting States:
AT BE CH DE DK ES FI FR GB GR IE IT LI LU NL
PT SE

(30) Priority: 12.03.1998 JP 6024598
03.02.1999 JP 2677499

(71) Applicant:
YAMANOUCHI PHARMACEUTICAL CO., LTD.
Tokyo 103 (JP)

(72) Inventors:
• MATSUMOTO, Mitsuyuki,
Yamanouchi Pharm. Co., Ltd.
Tsukuba-shi, Ibaraki 305-8585 (JP)

- SUGIMOTO, Toru,
Yamanouchi Pharmaceutical Co., Ltd.
Tsukuba-shi, Ibaraki 305-8585 (JP)
- TAKASAKI, Jun,
Yamanouchi Pharmaceutical Co., Ltd.
Tsukuba-shi, Ibaraki 305-8585 (JP)
- SAITO, Tetsu,
Yamanouchi Pharmaceutical Co., Ltd.
Tsukuba-shi, Ibaraki 305-8585 (JP)
- KOBAYASHI, Masato,
Yamanouchi Pharm. Co., Ltd.
Tokyo 174-8612 (JP)

(74) Representative: HOFFMANN - EITLE
Patent- und Rechtsanwälte
Arabellastrasse 4
81925 München (DE)

(54) NOVEL G PROTEIN-COUPLED RECEPTOR PROTEINS

(57) This invention belongs to the genetic engineering field, and provides novel G protein-coupled receptor family proteins SREB1, SREB2 and SREB3 expressed in the central nervous system, genes coding for said proteins, vectors containing said genes, host cells containing said vectors, processes for producing said G protein-coupled receptor proteins, screening methods using said G protein-coupled receptor proteins, antibodies for said G protein-coupled receptor proteins, and screening methods using said antibodies.

Representative method for obtaining the G protein-coupled receptor proteins of the present invention:

The reverse transcriptase-polymerase chain reaction (to be referred to as RT-PCR hereinafter) is used for obtaining the G protein-coupled receptor proteins of the present invention. mRNA is extracted from human or rat brain tissue or brain-derived cells. Then, using the mRNA as the template and using two primers interposing the entire portion or a part of the G protein-coupled receptor protein translation region, RT-PCR is carried out to obtain cDNA corresponding to the G protein-coupled receptor protein or a part thereof. Then, the resulting cDNA of the novel G protein-coupled receptor

protein or a part thereof is ligated into an appropriate expression vector and expressed in a host cell to produce said G protein-coupled receptor protein.

D scripti n

Technical Field

5 [0001] This invention belongs to the genetic engineering field, and relates to novel G protein-coupled receptor proteins, genes coding for these G protein-coupled receptor proteins, methods for producing these G protein-coupled receptor proteins, screening methods using these G protein-coupled receptor proteins, antibodies for these G protein-coupled receptor proteins and screening methods using these antibodies.

10 Background Art

[0002] Cell membrane receptors which transmit signals to the intracellular region via the activation of heterotrimeric GTP binding protein are generally referred to as "G protein-coupled receptor". All members of the G protein-coupled receptor known to date are sometimes referred generally to as "seven transmembrane receptor", because they form a
 15 super family having a common structure which has the extracellular amino terminus and intracellular carboxyl terminus and passes through the cell membrane seven times. The G protein-coupled receptor transmits information on various physiologically active substances from cell membranes to the intracellular region via activation of heterotrimeric GTP binding protein and subsequent changes in the intracellular second messengers induced. As the intracellular second messengers which are controlled by the heterotrimeric GTP binding protein, cAMP via adenylate cyclase, Ca⁺⁺ via
 20 phospholipase C and the like are well known, and it has been revealed recently that many cellular proteins are their targets, such as the control of channels and activation of protein kinases via the heterotrimeric GTP binding protein (Gudermann, T. *et al.* (1997), *Annu. Rev. Neurosci.*, 20, 399 - 427). The physiologically active substances that transmit information via the G protein-coupled receptor include various known physiologically active substances such as neurotransmitters, hormones, chemokine, lipid-originated signal transducers, divalent ions and proteases. Information by
 25 these physiologically active substances is transmitted to the intracellular region through their specific G protein-coupled receptor, respectively.

[0003] Several hundred types of G protein-coupled receptor have so far been cloned from eucaryote. Regarding human, hundred or more types of G protein-coupled receptor for corresponding endogenous ligands have been cloned and are regarded as targets of drugs for diseases. There are various diseases in which G protein-coupled receptor is
 30 the target, and there exist effective drugs which act upon G protein-coupled receptor, in the respective fields of central nervous system, circulatory organ system, inflammatory immune system, digestive organ system, motor organ system and urinary organ/reproductive organ system (Stadel, J. *et al.* (1997), *Trends Pharmacol. Sci.*, 18, 430 - 437). This indicates that agonists or antagonists of G protein-coupled receptor have a high possibility of becoming a therapeutic agent of diseases, so that studies are being actively carried out on the discovery and identification of new G protein-coupled
 35 receptors.

[0004] Cloning of G protein-coupled receptor genes tends to start based on their structural homology in the super family in many cases, and a receptor having no correspondence to endogenous ligand is referred to as "the orphan G protein-coupled receptor". In general, a ligand specific for the orphan G protein-coupled receptor has not been found, so that it was difficult to develop its agonist or antagonist. In recent years, however, it has been proposed to create a
 40 drug targeting for the orphan G protein-coupled receptor by combining the substantiated compound libraries and high performance high throughput screening (Stadel, J. *et al.* (1997), *Trends Pharmacol. Sci.*, 18, 430 - 437).

[0005] That is, it is possible to screen an agonist for an orphan G protein-coupled receptor from a compound library by effective high throughput system of the measurement of cAMP and Ca⁺⁺ which are second messengers of many G protein-coupled receptors, or the measurement of GTPase activity and G protein binding of GTP γ S which are indexes
 45 of the activation of heterotrimeric GTP binding protein, so that it is possible to find specific agonists and antagonists making use of such compounds and furthermore to develop therapeutic drugs for certain diseases. Under such conditions, discovery of a novel G protein-coupled receptor capable of becoming a new therapeutic target of diseases is regarded as the most important step in creating a medicament which acts upon G protein-coupled receptors.

[0006] Among G protein-coupled receptors, there is a case in which a plurality of receptors are present for one
 50 endogenous ligand. Such receptors are referred to as receptor family, and each receptor is called subtype. Since all of the G protein-coupled receptors have a common structure which passes through the cell membrane seven times, 20 to 25% of amino acids are preserved mainly in the transmembrane region even in mutually independent G protein-coupled receptors, but when they form a receptor family, ratio of the amino acids preserved among its subtypes significantly increases to 35% or more, particularly to 60 to 80% among subtypes having high relevancy (Strader, C.D. *et al.* (1994),
 55 *Annu. Rev. Biochem.*, 63, 101 - 132).

[0007] When development of a therapeutic drug for diseases is planned by targeting for an endogenous ligand wherein a receptor family is present, specificity of its subtypes becomes important in many cases. This is because actions upon other subtype than actions upon a subtype that mediates the main action of a drug lead to side effects in

many cases. Accordingly, it is desirable to create a subtype-specific agonist or antagonist, but it is necessary to find a means for detecting the subtype-specificity for that purpose. Currently, a method for constructing a system in which a gene of a subtype is cloned and its specificity is detected using a cultured cell line or the like which expresses the gene is generally used.

5 [0008] When a novel G protein-coupled receptor is used as the target of disease treatment, it is highly possible that the subtype-specificity is important, so that discovery of a receptor family is important also in the case of the novel G protein-coupled receptor. The homology of amino acid sequences among independent G protein-coupled receptors is 20 to 25% as a whole, but when they form a receptor family, the homology significantly increases in general in the family, so that it is possible to presume whether they form a family or not, by comparing homology between two G protein-coupled receptors. It is possible to find novel G protein-coupled receptors which form a family, making use of such a means, and when a novel G protein-coupled receptor family is discovered, it will open a way for developing a drug for disease therapy because of the possibility of creating a subtype-specific agonist or antagonist.

10 [0009] The central nervous system transmits and controls various kinds of information using physiologically active substances represented by neurotransmitters. The G protein-coupled receptor is taking an important role in the signal transduction and control. Since many types of G protein-coupled receptor are present in the central nervous system, they are used as important therapeutic targets for diseases of the central nervous system. For example, it is considered that the G protein-coupled receptor of a neurotransmitter, dopamine, is a therapeutic target of schizophrenia (Seeman, P. *et al.* (1997), *Neuropsychopharmacology*, 16, 93 - 110), the G protein-coupled receptor of serotonin is that of depression (Cowen, P.J. (1991), *Br. J. Psychiatry*, 159 (Suppl. 12), 7 - 14), and the G protein-coupled receptor of neuropeptide Y is that of eating disorder (Blomqvist, A.G. and Herzog, H. (1997), *Trends Neurosci.*, 20, 294 - 298).

20 [0010] It is considered that a novel G protein-coupled receptor expressing in the central nervous system, preferably a human receptor, will lead to a candidate for a new therapeutic target of central nervous system diseases or to the elucidation of central nervous system functions. In addition, for the purpose of developing a subtype-specific drug, it is desirable also to find a family in the case of the novel G protein-coupled receptor expressing in the central nervous system. Though the gene of a receptor GPR27 obtained from a mouse, having high homology with the amino acid sequence of SREB1 which is one of the G protein-coupled receptors of the invention, and an amino acid sequence based on its gene sequence have been reported (O'Dowd, B.F. *et al.* (1998), *Genomics*, 47, 310 - 313), no information is available to date concerning gene sequence and amino acid sequence of a human receptor.

30 Disclosure of the Invention

[0011] The present invention is to provide novel G protein-coupled receptor family proteins expressed in the central nervous system, as the target of therapeutic agents for central nervous system diseases.

35 [0012] With the aim of achieving the above object, the present inventors have conducted intensive studies and, as a result, succeeded in isolating genes (SREB1, SREB2, SREB3, rSREB1, rSREB2 and rSREB3) which encode novel G protein-coupled receptor family proteins expressed in the central nervous system.

[0013] Also, we have established vectors containing these genes, host cells containing these vectors and methods for producing these G protein-coupled receptor proteins using such host cells, and rendered possible screening of these G protein-coupled receptor proteins and compounds, peptides and antibodies capable of modifying activities of the G protein-coupled receptor proteins.

40 [0014] Illustratively, the present invention relates to

(1) a G protein-coupled receptor protein which has the amino acid sequence described in Sequence No. 2, 4, 6, 22 or 26, or a G protein-coupled receptor protein as an equivalent to the protein,

45 preferably a human origin G protein-coupled receptor protein which has the amino acid sequence described in Sequence No. 2, 4 or 6 or a G protein-coupled receptor protein as an equivalent to the protein, or a rat origin G protein-coupled receptor protein which has the amino acid sequence described in Sequence No. 6, 22 or 26 or a G protein-coupled receptor protein as an equivalent to the protein,

50 (2) a G protein-coupled receptor protein which has the amino acid sequence described in Sequence No. 2, 4, 6, 22 or 26,

(3) a gene which has a nucleotide sequence coding for the G protein-coupled receptor protein described in the item (1),

(4) a vector which contains the gene described in the item (3),

(5) a host cell which contains the vector described in the item (4),

55 (6) a method for producing the G protein-coupled receptor protein described in the item (1) or (2), or a G protein-coupled receptor protein as an equivalent to the protein, which comprises using the host cell described in the item (5),

(7) a method for screening a medicament acting on the G protein-coupled receptor protein described in the item (1)

or (2), which comprises allowing the G protein-coupled receptor protein to contact with a compound to be tested, or (8) an antibody for the G protein-coupled receptor protein described in the item (1) or (2) or a partial peptide thereof.

[0015] The following explains the terms to be used herein.

[0016] The term "human origin" or "rat origin" means an amino acid sequence identical to the amino acid sequence of a G protein-coupled receptor protein expressing in human or rat.

[0017] The term "equivalent" of the G protein-coupled receptor protein of the present invention means a G protein-coupled receptor protein which is expressed in the central nervous system and shows the same activity of any one of the G protein-coupled receptor proteins represented by the amino acid sequences described in Sequence No. 2, 4, 6, 22 or 26.

[0018] In this connection, the G protein-coupled receptor and the G protein-coupled receptor protein have the same meaning.

[0019] The novel G protein-coupled receptor protein of the present invention is any one of the G protein-coupled receptor proteins represented by the amino acid sequences described in Sequence No. 2, 4, 6, 22 and 26, or equivalents thereof. Illustratively, all of G protein-coupled receptor proteins are included in the invention as long as they have the amino acid sequence described in Sequence No. 2, 4, 6, 22 or 26, or an amino acid sequence in which the amino acid sequence described in Sequence No. 2, 4, 6, 22 or 26, has substitution, deletion or insertion of one or a plurality, preferably from 1 to 10, more preferably from 1 to 7, most preferably from 1 to 5, of amino acids, and have the same activity of the protein represented by the amino acid sequence described in Sequence No. 2, 4 or 6. Preferably, it is a human or rat origin G protein-coupled receptor protein having the amino acid sequence described in Sequence No. 2, 4, 6, 22 or 26.

[0020] Also, the gene which has a nucleotide sequence coding for the novel G protein-coupled receptor protein of the invention may be any gene, as long as it has a nucleotide sequence coding for the G protein-coupled receptor protein represented by the amino acid sequence described in Sequence No. 2, 4 or 6, or an equivalent thereof. Preferably, it is a gene which has a nucleotide sequence coding for the amino acid sequence described in Sequence No. 2, 4, 6, 22 or 26. More preferably, it is a gene which has a sequence of from 1 to 1,125 positions of the nucleotide sequence described in Sequence No. 1, from 1 to 1,110 positions of the nucleotide sequence described in Sequence No. 3, from 1 to 1,119 positions of the nucleotide sequence described in Sequence No. 5, from 1 to 1,131 positions of the nucleotide sequence described in Sequence No. 21, from 1 to 1,110 positions of the nucleotide sequence described in Sequence No. 23 or from 1 to 1,119 positions of the nucleotide sequence described in Sequence No. 25.

[0021] The gene which encodes the G protein-coupled receptor protein of the invention can be obtained by the following methods.

1) Production methods of novel G protein-coupled receptor protein gene

a) First production method

[0022] A mRNA sample is extracted from human cells or tissue having the ability to produce the G protein-coupled receptor protein of the invention. Next, using this mRNA as the template, two primers interposing the G protein-coupled receptor protein mRNA or a part of the mRNA region is prepared. The G protein-coupled receptor protein cDNA or a part thereof can be obtained by carrying out a reverse transcriptase-polymerase chain reaction (to be referred to as RT-PCR hereinafter) suited for SREB1, SREB2 or SREB3 by modifying the conditions for denature temperature, denaturing agent addition and the like. Thereafter, the receptor protein can be produced by integrating the thus obtained G protein-coupled receptor cDNA or a part thereof into an appropriate expression vector and expressing it in a host cell.

[0023] Firstly, mRNA molecules including those encoding the G protein-coupled receptor protein of the invention are extracted by a known method from cells or tissue, such as of the human brain or rat brain, having the ability to produce the protein. Regarding the extraction method, a guanidine thiocyanate hot phenol method, a guanidine thiocyanate-guanidine hydrochloride method and the like can be exemplified, and a guanidine thiocyanate cesium chloride method can be cited as a preferred method. The cells or tissue having the ability to produce the protein can be identified by the Northern blotting method using a gene having a nucleotide sequence coding for the protein or a part thereof or by the Western blotting method using an antibody specific for the protein.

[0024] Purification of mRNA can be carried out in accordance with the conventional method, for example by adhering the mRNA to an oligo(dT) cellulose column and then eluting it therefrom. In addition, the mRNA can be further fractionated, for example, by a sucrose density gradient centrifugation. Alternatively, a commercially available already-extracted mRNA preparation may be used without carrying out the mRNA extraction.

[0025] Next, a single-stranded cDNA is synthesized from the thus purified mRNA by carrying out a reverse transcriptase reaction in the presence of a random primer or an oligo-dT primer. This synthesis can be carried out in the conventional way. The novel G protein-coupled receptor DNA of interest is amplified by subjecting the thus obtained sin-

gle-stranded cDNA to PCR using two primers interposing a region of the gene of interest. The thus obtained DNA is fractionated, for example, by an agarose gel electrophoresis. As occasion demands, a DNA fragment of interest can be obtained by digesting the DNA with restriction enzymes and then connecting the digests.

5 b) Second production method

[0026] In addition to the above method, the gene of the invention can also be produced making use of conventional genetic engineering techniques. Firstly, single-stranded cDNA is synthesized using the mRNA obtained by the above method as the template and a reverse transcriptase, and then double-stranded cDNA is synthesized from the single-
10 stranded cDNA. Examples of the method include the S1 nuclease method (Efstratiadis, A. *et al.* (1976), *Cell*, 7, 279 - 288), the Land method (Land, H. *et al.* (1981), *Nucleic Acids Res.*, 9, 2251 - 2266), the O. Joon Yoo method (Yoo, O.J. *et al.* (1983), *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 79, 1049 - 1053) and the Okayama-Berg method (Okayama, H. and Berg, p. (1982), *Mol. Cell. Biol.*, 2, 161 - 170).

[0027] Next, the recombinant plasmid obtained by the above method is introduced into an *Escherichia coli* strain, such as DH5 α , to effect its transformation, and a transformant can be selected making use of tetracycline resistance or ampicillin resistance as a marker. For example, when the host cell is *Escherichia coli*, transformation of the host cell can be carried out by the Hanahan's method (Hanahan, D. (1983), *J. Mol. Biol.*, 166, 557 - 580), namely a method in which the recombinant DNA is added to competent cells prepared in the presence of CaCl₂ and MgCl₂ or RbCl. In this case, not only a plasmid but also a lambda or the like phage vector can also be used as the vector.

20 [0028] A strain having DNA coding for the novel G protein-coupled receptor protein of interest can be selected from the thus obtained transformants, for example by the following various methods.

(1) A screening method which uses a synthetic oligonucleotide probe

25 [0029] An oligonucleotide corresponding to the entire portion or a part of the G protein-coupled receptor protein of the invention is synthesized (in this case, it may be either a nucleotide sequence derived using the codon usage or a combination of plural possible nucleotide sequences, and in the latter case, their kinds can be reduced by including Inosine), this is used as a probe (labeled with ³²P or ³³P) and allowed to hybridize with DNA samples of transformants, which are denatured and fixed on a nitrocellulose filter, and then a positive strain is screened and selected.

30 (2) A screening method which uses a probe prepared by polymerase chain reaction

[0030] Sense primer and antisense primer oligonucleotides corresponding to a part of the G protein-coupled receptor protein of the invention are synthesized, and polymerase chain reaction (Saiki, R.K. *et al.* (1988), *Science*, 239, 487 - 491) is carried out using a combination of them to effect amplification of a DNA fragment of interest coding for the entire portion or a part of the G protein-coupled receptor protein. As the template DNA to be used herein, cDNA synthesized by the reverse transcription reaction from mRNA of cells capable of producing the G protein-coupled receptor protein or genomic DNA can be used. The thus prepared DNA fragment is labeled with ³²P or ³³P and used as the probe to select a clone of interest by carrying out colony hybridization or plaque hybridization.

40 (3) A screening method in which the novel G protein-coupled receptor protein is produced in other animal cells

[0031] A transformant is cultured to amplify the gene of interest, the gene is transfected into an animal cell (in this case, either a plasmid which can perform autonomous replication and contains a transcription promoter region or a plasmid which can be integrated into chromosome of the animal cell may be used) and a protein coded by the gene is produced on the cell surface. By detecting the protein using an antibody specific for the G protein-coupled receptor protein of the invention, a strain of interest having cDNA coding for the G protein-coupled receptor protein is selected from the original transformants.

50 (4) A selection method which uses an antibody specific for the G protein-coupled receptor protein of the invention

[0032] In advance, cDNA is integrated into an expression vector and protein is produced on the surface of transformant strains, and then strains capable of producing the G protein-coupled receptor protein are detected using an antibody specific for the G protein-coupled receptor protein of the invention and a second antibody for the first antibody, thereby selecting a strain of interest.

(5) A method which uses a selective hybridization translation system

[0033] Samples of cDNA obtained from transformants are blotted on, for example, a nitrocellulose filter and hybridized with mRNA prepared from cells capable of producing the G protein-coupled receptor protein of the invention, and then the mRNA linked to the cDNA is dissociated and recovered. The thus recovered mRNA is then translated into protein using a protein translation system, for example by injecting into *Xenopus* oocyte or in a cell-free system such as a rabbit reticulocyte lysate, wheat germ or the like. A strain of interest is selected by detecting it using an antibody for the G protein-coupled receptor protein of the invention.

[0034] Collection of DNA which encodes the G protein-coupled receptor protein of the invention from the thus obtained transformant of interest can be carried out in accordance with a known method (Maniatis, T. *et al.* (1982): "Molecular Cloning - A Laboratory Manual", Cold Spring Harbor Laboratory, NY). For example, it can be carried out by separating a fraction corresponding to a plasmid DNA from cells, and cutting out a cDNA region from the plasmid DNA.

c) Third production method

[0035] The gene which has a nucleotide sequence coding for the amino acid sequence represented by Sequence No. 2, 4, 6, 22 or 26 can also be produced by binding DNA fragments produced by a chemical synthesis method. Each DNA can be synthesized using a DNA synthesizer (e.g., Oligo 1000M DNA Synthesizer (Beckman), 394 DNA/RNA Synthesizer (Applied Biosystems) or the like).

d) Fourth production method

[0036] For the purpose of effecting expression of the function of G protein-coupled receptor protein of the invention by the substance thus obtained by genetic engineering techniques making use of the gene of the invention, it is not always necessary to have all of the amino acid sequences represented by Sequence No. 2, 4, 6, 22 and 26; for example, even if it is a partial sequence or other amino acid sequence is added thereto, such proteins are also included in the G protein-coupled receptor protein of the invention, as long as they show the same activity of the G protein-coupled receptor protein represented by the amino acid sequence shown in Sequence No. 2, 4, 6, 22 or 26. Also, as is known by the interferon gene and the like, it is considered that genes of eucaryote generally show polymorphism (e.g., see Nishi, T. *et al.* (1985), *J. Biochem.*, 97, 153 - 159), and there is a case in which one or a plurality of amino acid are substituted by this polymorphism or a case in which the nucleotide sequence is changed but the amino acids are completely unchanged. In consequence, even in the case of proteins in which one or a plurality of amino acid residues are substituted, deleted or inserted at one or a plurality of positions in the amino acid sequence represented by Sequence No. 2, 4 or 6, it is possible that they have the same activity of the G protein-coupled receptor represented by the amino acid sequence described in Sequence No. 2, 4 or 6. These proteins are called equivalents to the G protein-coupled receptor protein of the invention and included in the invention. In addition, a G protein-coupled receptor having the rat origin amino acid sequence shown by Sequence No. 22, 24 or 26 or a G protein-coupled receptor having the same activity of the former receptor is also included in the equivalents.

[0037] All of the genes having nucleotide sequences which encode these equivalents to the G protein-coupled receptor protein of the invention are included in the invention. Such various genes of the invention can also be produced by nucleic acid chemical synthesis methods in accordance with a usual method such as the phosphite triester method (Hunkapiller, M. *et al.* (1984), *Nature*, 10, 105 - 111), based on the information on the G protein-coupled receptor protein of the invention described in the foregoing. In this connection, codons for desired amino acid are well known, and they can be optionally selected and determined in the usual way, for example by taking codon usage of the host to be used into consideration (Crantham, R. *et al.* (1981), *Nucleic Acids Res.*, 9, r43 - r74). In addition, partial modification of codons of these nucleotide sequences can be carried out in the usual way in accordance, for example, with the site specific mutagenesis (Mark, D.F. *et al.* (1984), *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 81, 5662 - 5666) which uses a primer comprised of a synthetic oligonucleotide coding for the desired modification.

[0038] Determination of the sequence of DNA obtained by the above methods a) to d) can be carried out by, for example, the Maxam-Gilbert chemical modification method (Maxam, A.M. and Gilbert, E. (1980): "Methods in Enzymology", 65, 499 - 559) or the dideoxy nucleotide chain termination method (Messing, J. and Vieira, J. (1982), *Gene*, 19, 269 - 276) which uses M13.

[0039] Also, the vector of the invention, the host cell of the invention and the G protein-coupled receptor protein of the invention can be obtained by the following methods. 2) Production method of recombinant protein of the G protein-coupled receptor of the invention

[0040] An isolated fragment containing a gene coding for the G protein-coupled receptor protein of the invention can transform other eucaryotic host cell by again integrating into an appropriate vector DNA. In addition, it is possible to express the gene in respective host cells by introducing an appropriate promoter and a sequence related to the gene

expression into these vectors.

[0041] Cells of vertebrates, insects, yeast and the like are included in the eucaryotic host cells and, though not particularly limited, examples of commonly used vertebrate cells include COS cell which is a simian cell (Gluzman, Y. (1981), *Cell*, 23, 175 - 182), a dihydrofolate reductase deficient strain of Chinese hamster ovary cell (CHO) (Urlaub, G. and Chasin, L.A. (1980), *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 77, 4216 - 4220), human fetal kidney HEK293 cell and 293-EBNA cell (Invitrogen) prepared by introducing Epstein Barr virus EBNA-1 gene into the human cell.

[0042] As the expression vector for vertebrate cells, a vector which contains a promoter positioned on the upstream of the gene to be expressed, an RNA splicing site, a polyadenylation site, transcription termination sequence and the like can generally be used, and it may further contain a replication origin as occasion demands. Examples of the expression vector include pSV2dhfr having SV40 early promoter (Subramani, S. *et al.* (1981), *Mol. Cell. Biol.*, 1, 854 - 864), pEF-BOS having human elongation factor promoter (Mizushima, S. and Nagata, S. (1990), *Nucleic Acids Res.*, 18, 5322), pCEP4 having cytomegalovirus promoter (Invitrogen) and the like, though not limited thereto.

[0043] In a case in which COS cell is used as the host cell, an expression vector which has SV40 replication origin, can perform autonomous growth in COS cell and has a transcription promoter, a transcription termination signal and an RNA splicing site can be used, and its examples include pME18S (Maruyama, K. and Takebe, Y. (1990), *Med. Immunol.*, 20, 27 - 32), pEF-BOS (Mizushima, S. and Nagata, S. (1990), *Nucleic Acids Res.*, 18, 5322), pCDM8 (Seed, B. (1987), *Nature*, 329, 840 - 842) and the like. The expression vector can be incorporated into COS cell by, for example, the DEAE-dextran method (Luthman, H. and Magnusson, G. (1983), *Nucleic Acids Res.*, 11, 1295 - 1308), the calcium phosphate-DNA co-precipitation method (Graham, F.L. and van der Ed., A.J. (1973), *Virology*, 52, 456 - 457), a method which uses FuGENE6 (Boehringer Mannheim) or the electroporation method (Neumann, E. *et al.* (1982), *EMBO J.*, 1, 841 - 845), and a desired transformant cell can thus be obtained.

[0044] Also, when CHO cell is used as the host cell, a transformant cell capable of stably producing the novel G protein-coupled receptor protein can be obtained by carrying out co-transfection of an expression vector together with a vector capable of expressing *neo* gene which functions as a G418 resistance marker, such as pRSVneo (Sambrook, J. *et al.* (1989): "Molecular Cloning - A Laboratory Manual", Cold Spring Harbor Laboratory, NY) or pSV2-neo (Southern, P.J. and Berg, p. (1982), *J. Mol. Appl. Genet.*, 1, 327 - 341), and selecting a G418 resistant colony. In addition, when 293-EBNA cell is used as the host cell, a desired transformant cell can be obtained using an expression vector which has Epstein Barr virus replication origin and can perform autonomous growth in the 293-EBNA cell, such as pCEP4 (Invitrogen).

[0045] The thus obtained desired transformant can be cultured in the conventional way, and the G protein-coupled receptor protein of the invention is produced inside the cells or on the cell surface by this culturing. Regarding the medium to be used in this culturing, it can be optionally selected from various commonly used media depending on each host cell employed; for example, in the case of the COS cell, RPMI-1640 medium, Dulbecco's modified Eagle's minimum essential medium (DMEM) or the like can be used by adding serum components such as fetal bovine serum (FBS) and the like as occasion demands. Also, in the case of the 293-EBNA cell, Dulbecco's modified Eagle's minimum essential medium (DMEM) or the like medium supplemented with serum components such as fetal bovine serum (FBS) and the like can be used by further adding G418.

[0046] The G protein-coupled receptor protein of the invention thus produced inside the cell or on the cell surface of the transformant can be separated and purified therefrom by various known separation techniques making use of physical properties, chemical properties and the like of the receptor protein. Illustrative examples of such techniques, to be carried out after solubilization of the receptor protein-containing membrane fraction, include usual treatment with a protein precipitant, ultrafiltration, various liquid chromatography means such as molecular sieve chromatography (gel filtration), adsorption chromatography, ion exchange chromatography, affinity chromatography, high performance liquid chromatography (HPLC) and the like, dialysis and combinations thereof. In this connection, the membrane fraction can be obtained in the usual way. For example, it can be obtained by culturing the cells which expressed the G protein-coupled receptor protein on the surface, suspending them in a buffer and then homogenizing and centrifuging them. Also, when the G protein-coupled receptor protein is solubilized using a solubilizing agent as mild as possible (CHAPS, Triton X-100, digitonin or the like), characteristics of the receptor can be maintained after the solubilization.

[0047] By effecting expression of the G protein-coupled receptor protein of the invention through its in-frame fusion with a marker sequence, confirmation of the expression the G protein-coupled receptor protein, confirmation of its intracellular localization, purification thereof and the like become possible. Examples of the marker sequence include FLAG epitope, Hexa-Histidine tag, Hemagglutinin tag, myc epitope and the like. Also, when a specific sequence recognizable by a protease such as enterokinase, factor Xa or thrombin is inserted between a marker sequence and the G protein-coupled receptor protein, the marker sequence can be cut and removed by such a protease. For example, there is a report in which muscarinic acetylcholine receptor and Hexa-Histidine tag are connected with a thrombin-recognizing sequence (Hayashi, M.K. and Haga, T. (1996), *J. Biochem.*, 120, 1232 - 1238).

[0048] A method for the screening of compounds, peptides and antibodies capable of modifying activity of the G protein-coupled receptor protein is included in the invention. This screening method comprises adding an agent to be

tested to a system in which an index of the modification of G protein-coupled receptor protein in response to a physiological characteristic of the G protein-coupled receptor protein is measured making use of the thus constructed G protein-coupled receptor protein, and measuring the index. The following screening methods can be cited as illustrative examples of this measuring system. Also, examples of useful drugs to be tested include compounds or peptides which are conventionally known to have G protein-coupled receptor ligand activity but their ability to selectively modify activity of the novel G protein-coupled receptor protein is not clear, known compounds and peptides registered in chemical files but their various G protein-coupled receptor ligand activities are unknown, compounds obtained by the method such as combinatorial chemistry techniques (Terrett, N.K. *et al.* (1995), *Tetrahedron*, 51, 8135 - 8137) and random peptides prepared by employing a phage display (Félici, F. *et al.* (1991), *J. Mol. Biol.*, 222, 301 - 310) or the like. In addition, culture supernatants of microorganisms, natural components originated from plants and marine organisms, animal tissue extracts and the like are also objects of the screening. Also useful are compounds or peptides obtained by chemically or biologically modifying a compound or peptide selected by the screening method of the invention.

3) Screening methods of ligands of the G protein-coupled receptor protein of the invention, namely compounds, peptides and antibodies which modify activity of the G protein-coupled receptor protein of the invention

a) A screening method which uses a ligand binding assay method

[0049] Compounds, peptides and antibodies which bind to the G protein-coupled receptor protein of the invention (generally referred to as ligand) can be screened by a ligand binding assay method. A cell membrane sample obtained after expression of the receptor protein or a purified sample of the receptor protein is prepared, and a ligand purified for use in the ligand binding assay is radiation-labeled (50 to 2,000 Ci/mmol). Buffer solution, ions, pH and the like assay conditions are optimized, and the receptor protein-expressed cell membrane sample or the purified receptor protein sample is incubated in the thus optimized buffer for a predetermined period of time together with the radiation-labeled ligand. After the reaction, this is filtered through, e.g., a glass filter and washed with an appropriate amount of the buffer, and then the radioactivity remained on the filter (total binding amount) is measured using, e.g., a liquid scintillation counter. Nonspecific binding amount is measured by adding the unlabeled ligand in large excess in the reaction solution, and the specific binding amount is obtained by subtracting the nonspecific binding amount from the total binding amount. A ligand showing specific binding to the receptor protein-expressed cell membranes or the purified receptor protein can be selected as a ligand of the G protein-coupled receptor protein of the invention. In addition, a compound, peptide or antibody having agonist activity, or a compound, peptide or antibody having antagonist activity, of the G protein-coupled receptor protein can be screened making use of the binding inhibition of the thus obtained radioactive ligand as an index.

b) A screening method which uses a GTP γ S binding method

[0050] Compounds, peptides and antibodies capable of modifying the activity of the G protein-coupled receptor protein of the invention can be screened by a GTP γ S binding method (Lazareno, S. and Birdsall, N.J.M. (1993), *Br. J. Pharmacol.*, 109, 1120 - 1127). Cell membranes obtained after expression of the receptor protein is mixed with 400 pM of GTP γ S labeled with 35 S in a solution of 20 mM HEPES (pH 7.4), 100 mM NaCl, 10 mM MgCl₂ and 50 mM GDP. After incubation in the presence or absence of an agent to be tested, this is filtered through, e.g., a glass filter and then radioactivity of the bound GTP γ S is measured using, e.g., a liquid scintillation counter. A compound, peptide or antibody having agonist activity of the G protein-coupled receptor protein can be screened making use, as an index, of the increased specific GTP γ S binding in the presence of the drug to be tested. Also, a compound, peptide or antibody having antagonist activity of the G protein-coupled receptor protein can be screened making use, as an index, of the suppression of increase in the GTP γ S binding by the thus obtained compound, peptide or antibody having agonist activity.

c) A screening method which uses changes in the intracellular Ca⁺⁺ and cAMP concentrations

[0051] Many G protein-coupled receptor proteins induce increase in Ca⁺⁺ and/or increase or decrease in cAMP concentration in the cells caused by an agonist stimulus. Accordingly, compounds, peptides and antibodies capable of modifying the activity of the G protein-coupled receptor protein of the invention can be screened making use of the changes in the intracellular Ca⁺⁺ or cAMP concentration. The Ca⁺⁺ concentration is measured using fura2 and the like, and the cAMP concentration is measured using a commercially available cAMP assay kit (by Amersham, etc.).

[0052] Alternatively, it is possible to measure the Ca⁺⁺ and cAMP concentrations indirectly, by detecting the transcription activity of a gene whose transcription amount is controlled depending on the Ca⁺⁺ and cAMP concentrations. A sample such as a compound, a peptide, a tissue extract or the like is allowed to react for a predetermined period of time with cells in which the receptor protein is expressed or host cells in which the receptor protein is not expressed

(control cells), and the Ca^{++} and cAMP concentrations are measured directly or indirectly. A compound, peptide or antibody having agonist activity can be screened making use, as an index, of the increase in Ca^{++} and/or increase or decrease in cAMP concentration in the receptor protein-expressed cells by comparing with the control cells. Also, a compound, peptide or antibody having antagonist activity of the G protein-coupled receptor protein can be screened making use, as an index, of the increase in Ca^{++} and/or increase or decrease in cAMP concentration caused by the thus obtained compound, peptide or antibody having agonist activity.

d) A screening method which uses Microphysiometer

[0053] Upon various signal responses of cells, trace amount of hydrogen ions outflow into the extracellular moiety is detected. Most of this outflow of hydrogen ions occur when metabolites formed by the fuel consumption of cells to obtain energy for their responses are increased or when signals of the cells are transmitted directly to the hydrogen ion pump. Since the G protein-coupled receptor protein of the invention requires energy for its signal transmission, outflow of hydrogen ions occurs when the receptor is activated. Since changes in pH caused by such a trace outflow of hydrogen ions in a medium around cells can be detected by CYTOSENSOR Microphysiometer (Molecular Devices), it can be used for the detection of the activation energy consuming receptors.

[0054] A compound, a peptide, a tissue extract or the like is allowed to react for a predetermined period of time with cells in which the receptor protein is expressed or host cells in which the receptor protein is not expressed (control cells), and changes in the pH due to outflow of hydrogen ions are measured. A compound, peptide or antibody having agonist activity can be screened making use, as an index, of the changes in pH caused by the outflow of hydrogen ions from the receptor protein-expressed cells by comparing with the control cells. Also, a compound, peptide or antibody having antagonist activity of the G protein-coupled receptor protein can be screened making use, as an index, of the changes in pH due to the outflow of hydrogen ions caused by the thus obtained compound, peptide or antibody having agonist activity.

[0055] A medicament which contains as the active ingredient a compound, peptide or antibody capable of significantly modifying the activity of the G protein-coupled receptor protein or a G protein-coupled receptor protein selected by the screening method is included in the invention.

[0056] The antibody, such as a polyclonal antibody or monoclonal antibody, which reacts with the G protein-coupled receptor protein of the invention can be obtained by directly administering the novel G protein-coupled receptor protein or a fragment of the G protein-coupled receptor protein to various animals. It can also be obtained by a DNA vaccine method (Raz, E. *et al.* (1994), *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 91, 9519 - 9523; Donnelly, J.J. *et al.* (1996), *J. Infect. Dis.*, 173, 314 - 320) using a plasmid in which a gene which encodes the G protein-coupled receptor protein of the invention is introduced.

[0057] The polyclonal antibody is produced from sera or eggs of an animal (e.g., rabbit, rat, goat, fowl or the like) immunized and sensitized by emulsifying the G protein-coupled receptor protein or a fragment thereof in an appropriate adjuvant such as complete Freund's adjuvant and administering it by intraperitoneal, subcutaneous or intravenous injection. The polyclonal antibody thus produced from sera or eggs can be separated and purified by the usual protein isolation purification methods. Examples of such methods include centrifugation, dialysis, salting out with ammonium sulfate, and chromatographic techniques using carriers such as DEAE-cellulose, hydroxyapatite, protein A agarose and the like.

[0058] An active antibody fragment containing a part of the antibody, such as F(ab')_2 , Fab, Fab' or Fv, can be obtained by digesting the thus separated and purified antibody with a proteolytic enzyme such as pepsin, papain or the like in the usual way and subsequently separating and purifying it by the usual protein isolation purification methods.

[0059] It is possible for those skilled in the art to easily produce a monoclonal antibody by the cell fusion method of Kohler and Milstein (Kohler, G. and Milstein, C. (1975), *Nature*, 256, 495 - 497).

[0060] Mice are immunized by intraperitoneal, subcutaneous or intravenous inoculation of an emulsion prepared by emulsifying the G protein-coupled receptor protein of the invention or a fragment thereof in an appropriate adjuvant such as complete Freund's adjuvant, several times repeatedly at intervals of several weeks. After final immunization, spleen cells are collected and fused with myeloma cells to prepare a hybridoma.

[0061] Myeloma cells having hypoxanthine-guanine phosphoribosyl transferase deficiency, thymidine kinase deficiency or the like marker, such as mouse myeloma cell strain P3X63Ag8.U1, are used as the myeloma cells for obtaining the hybridoma. Also, polyethylene glycol is used as the fusing agent. In addition, Eagle's minimum essential medium, Dulbecco's modified minimum essential medium, RPMI-1640 or the like generally used medium is optionally supplemented with 10 to 30% of fetal bovine serum and used as the medium for the preparation of the hybridoma.

Fused strains are selected by the HAT selection method. Screening of hybridoma is carried out using a conventional method such as the culture supernatant by ELISA, immunohistological staining or the like or by the screening method described in the foregoing, and a hybridoma clone secreting the antibody of interest is selected. Also, monoclonal nature of the hybridoma is confirmed by repeating subcloning by means of limiting dilution analysis. When the thus

obtained hybridoma is cultured for 2 to 4 days in a medium or for 10 to 20 days in the abdominal cavity of a BALB/c mice pretreated with pristane, the antibody in an amount sufficient for purification is produced.

[0062] The thus produced monoclonal antibody can be separated and purified from the culture supernatant or ascites by the usual protein isolation purification methods. Examples of such methods include centrifugation, dialysis, salting out with ammonium sulfate, and chromatographic techniques using carriers such as DEAE-cellulose, hydroxyapatite, protein A agarose and the like. In addition, the monoclonal antibody or an antibody fragment containing a part thereof can also be produced by integrating entire portion or a part of a gene coding for the antibody into an expression vector and introducing into *Escherichia coli*, yeast or animal cells. An active antibody fragment containing a part of the antibody, such as F(ab')₂, Fab, Fab' or Fv, can be obtained by digesting the thus separated and purified antibody with a proteolytic enzyme such as pepsin, papain or the like in the usual way and subsequently separating and purifying it by the usual protein isolation purification methods.

[0063] In addition, it is possible to obtain an antibody capable of reacting with the G protein-coupled receptor protein of the invention as single chain Fv or Fab by the method of Clackson *et al.* or Zebedee *et al.* (Clackson, T. *et al.* (1991), *Nature*, 352, 624 - 628; Zebedee, S. *et al.* (1992), *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 89, 3175 - 3179). It is also possible to obtain a human antibody by immunizing a transgenic mouse in which a mouse antibody gene is replaced by a human antibody gene (Lonberg, N. *et al.* (1994), *Nature*, 368, 856 - 859).

[0064] The medicament of the invention is characterized in that it has a novel pharmacological action to selectively control activity of the G protein-coupled receptor, and examples of the use of the medicament include central nervous system diseases which are induced by abnormalities of the G protein-coupled receptor activity (acceleration, reduction, denaturation and the like) or which express the abnormalities as complications.

[0065] The pharmaceutical preparation which contains a compound, peptide, antibody or antibody fragment capable of modifying activity of the G protein-coupled receptor protein of the invention, as the active ingredient, can be prepared using carriers, fillers and other additives generally used in the preparation of medicaments, in response to each type of the active ingredient.

[0066] Examples of its administration include oral administration in the form of tablets, pills, capsules, granules, fine granules, powders, oral solutions and the like, and parenteral administration in the form of intravenous, intramuscular and the like injections, suppositories, percutaneous preparations, transmucosal absorption preparations and the like. Particularly, in the case of peptides which are digested in the stomach, intravenous injection or the like parenteral administration is desirable.

[0067] In the solid composition for use in the oral administration according to the present invention, one or more active substances are mixed with at least one inert diluent such as lactose, mannitol, glucose, microcrystalline cellulose, hydroxypropylcellulose, starch, polyvinyl pyrrolidone or aluminum magnesium metasilicate. In the usual way, the composition may contain additives other than the inert diluent, for example, a lubricant, a disintegrating agent, a stabilizing agent and a solubilizing or solubilization assisting agent. If necessary, tablets or pills may be coated with a sugar coating or a film of a gastric or enteric substance.

[0068] The liquid composition for oral administration includes emulsions, solutions, suspensions, syrups and elixirs and contains a generally used inert diluent such as purified water or ethanol. In addition to the inert diluent, this composition may also contain other additives such as moistening agents, suspending agents, sweeteners, flavors and antiseptics.

[0069] The injections for parenteral administration includes aseptic aqueous or non-aqueous solutions, suspensions and emulsions. Examples of the diluent for use in the aqueous solutions and suspensions include distilled water for injection use and physiological saline. Examples of the diluent for use in the non-aqueous solutions and suspensions include propylene glycol, polyethylene glycol, plant oils (e.g., olive oil), alcohols (e.g., ethanol), polysorbate 80 and the like. Such a composition may further contain a moistening agent, an emulsifying agent, a dispersing agent, a stabilizing agent, a solubilizing or solubilization assisting agent, an antiseptic and the like. These compositions are sterilized for example by filtration through a bacteria retaining filter, blending of a germicide or irradiation. Alternatively, they may be used by firstly making into sterile solid compositions and dissolving them in sterile water or other sterile solvent for injection use prior to their use.

[0070] The dose is optionally decided by taking into consideration strength of each active ingredient selected by the screening method described in the foregoing and symptoms, age, sex and the like of each patient to be administered.

Brief Description of the Drawings

[0071]

Fig. 1 shows alignment of amino acid sequences of SREB1, SREB2 and SREB3.

Fig. 2 shows a result of Northern analysis of SREB1 in human organs.

Fig. 3 shows a result of Northern analysis of SREB1 in each region of human brain.

Fig. 4 shows a result of Northern analysis of SREB2 in human organs.

Fig. 5 shows a result of Northern analysis of SREB2 in each region of human brain.

Fig. 6 shows a result of Northern analysis of SREB3 in human organs.

Fig. 7 shows a result of Northern analysis of SREB3 in each region of human brain.

5 Fig. 8 shows a result confirming expression of SREB1, SREB2 or SREB3 protein.

Fig. 9 shows binding activity of anti-3LO antibody for SREB1, SREB2 or SREB3.

Fig. 10 shows binding activity of anti-C24 antibody for SREB1.

Fig. 11 shows pCRE-Luc derived luciferase activity in cells in which SREB1, SREB2 or SREB3 was introduced.

Fig. 12 shows pSRE-Luc derived luciferase activity in cells in which SREB1, SREB2 or SREB3 was introduced.

10

Best Mode for Carrying Out the Invention

[0072] In order to disclose the invention further illustratively, Examples are described in the following, but the invention is not limited to these Examples. In this connection, unless otherwise noted, they can be carried out in accordance with known methods (Maniatis, T. *et al.* (1982): "Molecular Cloning - A Laboratory Manual", Cold Spring Harbor Laboratory, NY).

(Example 1) Isolation of genes coding for the novel G protein-coupled receptor family proteins

20 [0073] Full length cDNA coding for the G protein-coupled receptor family protein (SREB1, SREB2 or SREB3) of the invention was obtained by RT-PCR using human brain origin poly A⁺ RNA (Clontech) as the template.

[0074] In the amplification of the novel G protein-coupled receptor human SREB1, 5'-AAAATCTAGA CGCGATGGCGAACGCGAGCGA-3' (Sequence No. 7) was used as the forward primer, and 5'-AAAATCTAGA GTCTATGTGGCGGGGCTCCC-3' (Sequence No. 8) as the reverse primer (*Xba*I site is added to each 5' terminus). RT-PCR was carried out using Pfu DNA polymerase (Stratagene) and by repeating a cycle of 98°C (20 seconds)/64°C (30 seconds)/74°C (3 minutes) 34 times in the presence of 5% formamide. As the result, a DNA fragment of about 1.2 kbp was amplified. This fragment was digested with *Xba*I and then cloned using pCEP4 plasmid (Invitrogen). Since the pCEP4 plasmid contains CMV promoter which shows strong promoter activity in animal cells, it can be used in expressing recombinant proteins in animal cells. Nucleotide sequence of the thus obtained clone was analyzed by the dideoxy terminator method using ABI377 DNA Sequencer (Applied Biosystems). The thus revealed sequence is shown in Sequence No. 1 of the Sequence Listing.

[0075] This sequence contains an open reading frame of 1,125 bases (from the 1st position to the 1125th position of Sequence No. 1). An amino acid sequence (375 amino acids) deduced from the open reading frame is shown in Sequence No. 2 of the Sequence Listing. Since the deduced amino acid sequence contains seven hydrophobic regions considered to be the transmembrane domains which is a characteristic of the G protein-coupled receptor, it was found that this gene encodes the G protein-coupled receptor.

[0076] In the amplification of the novel G protein-coupled receptor human SREB2, 5'-AAAATCTAGA TCTATGGCGAACTATAGCCATGCA-3' (Sequence No. 9) was used as the forward primer, and 5'-AAAATCTAGA AAGGCTAAAGATTACAGATGCTCC-3' (Sequence No. 10) as the reverse primer (*Xba*I site is added to each 5' terminus). RT-PCR was carried out using Pfu DNA polymerase (Stratagene) and by repeating a cycle of 96°C (20 seconds)/54°C (30 seconds)/74°C (3 minutes) 34 times. As the result, a DNA fragment of about 1.2 kbp was amplified. This fragment was digested with *Xba*I and then cloned using pCEP4 plasmid (Invitrogen). Nucleotide sequence of the thus obtained clone was analyzed by the dideoxy terminator method using ABI377 DNA Sequencer (Applied Biosystems). The thus revealed sequence is shown in Sequence No. 3 of the Sequence Listing.

45 [0077] This sequence contains an open reading frame of 1,110 bases (from the 1st position to the 1110th position of Sequence No. 3). An amino acid sequence (370 amino acids) deduced from the open reading frame is shown in Sequence No. 4 of the Sequence Listing. Since the deduced amino acid sequence contains seven hydrophobic regions considered to be the transmembrane domains which is a characteristic of the G protein-coupled receptor, it was found that this gene encodes the G protein-coupled receptor.

50 [0078] In the amplification of the novel G protein-coupled receptor human SREB3, 5'-AAAATCTAGA GTATGGCCAACACTACCGGAGAG-3' (Sequence No. 11) was used as the forward primer, and 5'-AAAATCTAGA CCTGTCTGCCTACCAGCCTGC-3' (Sequence No. 12) as the reverse primer (*Xba*I site is added to each 5' terminus). RT-PCR was carried out using Pfu DNA polymerase (Stratagene) and by repeating a cycle of 98°C (20 seconds)/62°C (30 seconds)/74°C (3 minutes) 34 times in the presence of 5% formamide. As the result, a DNA fragment of about 1.2 kbp was amplified. This fragment was digested with *Xba*I and then cloned using pCEP4 plasmid (Invitrogen). Nucleotide sequence of the thus obtained clone was analyzed by the dideoxy terminator method using ABI377 DNA Sequencer (Applied Biosystems). The thus revealed sequence is shown in Sequence No. 5 of the Sequence Listing.

55 [0079] This sequence contains an open reading frame of 1,119 bases (from the 1st position to the 1119th position

of Sequence No. 5). An amino acid sequence (373 amino acids) deduced from the open reading frame is shown in Sequence No. 6 of the Sequence Listing. Since the deduced amino acid sequence contains seven hydrophobic regions considered to be the transmembrane domains which is a characteristic of the G protein-coupled receptor, it was found that this gene encodes the G protein-coupled receptor.

5 [0080] Homology of the novel G protein-coupled receptor SREB family (SREB1, SREB2 or SREB3) with a known G protein-coupled receptor family is 25% or less, respectively.

[0081] On the other hand, homology of SREB1 with SREB2 is 52%, homology of SREB1 with SREB3 is 52% and homology of SREB2 with SREB3 is 63%, which are significantly higher than the homology with known G protein-coupled receptors (Fig. 1). This fact shows that the G protein-coupled receptors SREB1, SREB2 and SREB3 of the invention form a novel G protein-coupled receptor family independent of the known G protein-coupled receptors.

(Example 2) Expression distribution of human novel G protein-coupled receptor family genes in tissues

15 [0082] Expression distribution of the G protein-coupled receptor genes of the invention was analyzed by the northern blot hybridization method. A cDNA fragment (from the 722nd position to the 1054th position in Sequence No. 1) was used as the probe of human SREB1. Poly A⁺ RNA (2 µg) originated from each of human organs was blotted on a membrane (Clontech), and its hybridization with the probe was carried out at 42°C (18 hours) in a solution containing 50% formamide, 5 x SSPE, 10 x Denhardt's solution, 2% SDS and 100 µg/ml denatured salmon sperm DNA. The membrane was finally washed twice (65°C for 30 minutes) with a solution containing 0.2 x SSC and 0.1% SDS. As shown in Fig. 2, 20 when the northern analysis was carried out on each of human organs (heart, brain, placenta, lung, liver, skeletal muscle, kidney, pancreas, spleen, thymus, prostate, testis, ovary, small intestine, large intestine and peripheral leukocyte), 3 kb of mRNA was detected in the brain, ovary, testis, heart and prostate, and 3 kb and 2.3 kb mRNA in the peripheral leukocyte. Also, a signal of 3 kb was slightly detected in the pancreas, too. In addition, the northern analysis was also carried out on each of the regions of the human brain (amygdala, caudate nucleus, corpus callosum, hippocampus, 25 substantia nigra, subthalamic nucleus, thalamus, cerebellum, cerebral cortex, medulla, spinal cord, occipital lobe, frontal lobe, temporal lobe and putamen). Since the 3 kb mRNA of the G protein-coupled receptor human SREB1 gene of the invention was detected in all of the examined human brain regions, it was found that it is expressed broadly in the human brain (Fig. 3).

[0083] A cDNA fragment (from the 558th position to the 888th position in Sequence No. 3) was used as the probe of human SREB2. When the northern analysis was carried out under the same conditions, 3.2 kb mRNA was detected 30 in the brain, and 2.4 kb, 3.5 kb and 6.3 kb mRNA in the testis, as shown in Fig. 4. Also, the signal of 3.5 kb was detected in the placenta and spleen, and the signal of 3.2 kb in small intestine, all slightly. Among regions in the brain, the 3.2 kb mRNA of the G protein-coupled receptor human SREB2 gene of the invention was abundantly detected in the amygdala, caudate nucleus, hippocampus, substantia nigra, subthalamic nucleus, thalamus, cerebellum, cerebral cortexes and putamen, but not so much in the corpus callosum, medulla and spinal cord. In addition, a signal of 7.8 kb was 35 slightly detected in each of the brain regions (Fig. 5).

[0084] A cDNA fragment (from the 1st position to the 652nd position in Sequence No. 5) was used as the probe of human SREB3. When the northern analysis was carried out under the same conditions, 4 kb and 5.1 kb mRNA was detected in the brain, and 4 kb, 5.1 kb and 9.7 kb mRNA in the ovary, as shown in Fig. 6. The G protein-coupled receptor 40 human SREB3 gene of the invention was detected in each region of the brain as signals of mainly 4 kb, 5.1 kb and slightly 9.7 kb, and the 4 kb mRNA was detected in the amygdala, hippocampus, subthalamic nucleus, cerebellum and cerebral cortex, and the 5.1 kb mRNA in the substantia nigra, subthalamic nucleus and spinal cord, relatively abundantly (Fig. 7).

[0085] The above results showed that the G protein-coupled receptor family genes SREB1, SREB2 and SREB3 of 45 the invention are expressed mainly in the central nervous system and urinary organ/reproductive organ system.

(Example 3) Confirmation of the expression of the novel human G protein-coupled receptor family proteins

[0086] pCEP4 (Invitrogen) was used as the expression vector for expressing human SREB1, SREB2 or SREB3. In 50 this case, in order to fuse a FLAG epitope as a marker sequence with the N terminus of human SREB1, SREB2 or SREB3, ATGGACTACAAGGACGACGATGACAAGGGGATCCTG (Sequence No. 13) was inserted into the 5' terminus of the protein coding sequence of SREB1, SREB2 or SREB3. The thus constructed plasmids were named pCEP4-FL-SREB1, pCEP4-FL-SREB2 and pCEP4-FL-SREB3, respectively. By the use of these plasmids, a polypeptide in which a sequence Met Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Lys Gly Ile Leu (Sequence No. 14) is fused with the N terminus of the 55 polypeptide of SREB1, SREB2 or SREB3 is expressed.

[0087] A 1×10^6 cells portion of 293-EBNA (Invitrogen) was inoculated into a 10 cm Petri dish and cultured for 1 day, and then gene transfer of 8 µg of pCEP4-FL-SREB1, pCEP4-FL-SREB2, pCEP4-FL-SREB3 or pCEP4-FL (vector alone) was carried out using FuGENE6 (Boehringer Mannheim). After the gene transfer, the cells were cultured for 1 day,

harvested, washed, suspended in 20 mM of Tris-HCl (pH 7.4)/150 mM NaCl/Complete™ (Boeringer Mannheim) and then homogenized using Polytron. The homogenate was mixed with Triton X-100, Digitonin and sodium cholate to final concentrations of 0.2%, 0.1% and 0.2% and then solubilized by incubating at 4°C for 2 hours. Immunoprecipitation of the FLAG epitope fusion protein from the thus solubilized sample was effected using M2-agarose (Sigma). The immune precipitate was eluted with 200 μM FLAG peptide/20 mM Tris-HCl (pH 7.4)/150 mM NaCl. The eluted sample was concentrated, subjected to electrophoresis using SDS/10%-20% acrylamide gel (Daichi Pure Chemicals) and then transferred on a PVDF membrane using a blotting apparatus. The PVDF membrane after the transfer was subjected to blocking and then allowed to react with a mouse anti-FLAG monoclonal antibody (M2; Sigma) and a horseradish peroxidase-labeled rabbit anti-mouse IgG polyclonal antibody (Zymed) in that order. After the reaction, expression of SREB1, SREB2 or SREB3 protein was confirmed using ECL Western Blotting Detection System (Amersham-Pharmacia) (Fig. 8).

[0088] The protein capable of reacting with the anti-FLAG antibody was not present in the cells in which pCEP4-FL was introduced but detected in the cells in which pCEP4-FL-SREB1, pCEP4-FL-SREB2 or pCEP4-FL-SREB3 was introduced as a band of 35 to 45 kDa. Estimated molecular weights of human SREB1, human SREB2 and human SREB3 were 39.8 kDa, 42.0 kDa and 41.5 kDa, respectively, and their bands were found at positions of almost expected molecular weights. In addition, a band of 65 to 75 kDa considered to be a dimer was detected in the case of human SREB1.

(Example 4) Isolation of gene coding for rat SREB1 (rSREB1), rat SREB2 (rSREB2) or rat SREB3 (rSREB3) protein

[0089] Complete length cDNA coding for rSREB2, rSREB2 or rSREB3 was obtained by RT-PCR using rat brain origin poly A⁺ RNA (Clontech) as the template.

[0090] In the amplification of rSREB1, 5'-AAAATCTAGACGGCGATGGCGAACGCTAGTGA-3' (Sequence No. 15) was used as the forward primer, and 5'-AAAATCTAGA CACTTTGAGAGTCTTGTGAAGGC-3' (Sequence No. 16) as the reverse primer (*Xba*I site is added to each 5' terminus). Amplification, cloning and nucleotide sequence determination of cDNA were carried out by the same methods of Example 1. The thus revealed sequence is shown in Sequence No. 21 of the Sequence Listing.

[0091] This sequence contains an open reading frame of 1,131 bases (from the 1st position to the 1131st position of Sequence No. 21). An amino acid sequence (377 amino acids) deduced from the open reading frame is shown in Sequence No. 22 of the Sequence Listing. Since the deduced amino acid sequence coincided in 97% frequency with the human SREB1, it was found that this gene encodes rSREB1.

[0092] In the amplification of rSREB2, 5'-AAAATCTAGATCTATGGCGAACTATAGCCATGC-3' (Sequence No. 17) was used as the forward primer, and 5'-AAAATCTAGA AAGGCTAAAGATTTACAGATGCTCC-3' (Sequence No. 18) as the reverse primer (*Xba*I site is added to each 5' terminus). Amplification, cloning and nucleotide sequence determination of cDNA were carried out by the same methods of Example 1. The thus revealed sequence is shown in Sequence No. 23 of the Sequence Listing.

[0093] This sequence contains an open reading frame of 1,110 bases (from the 1st position to the 1110th position of Sequence No. 23). An amino acid sequence (370 amino acids) deduced from the open reading frame is shown in Sequence No. 24 of the Sequence Listing. Since the deduced amino acid sequence coincided in 100% frequency with the human SREB2, it was found that this gene encodes rSREB2.

[0094] In the amplification of rSREB3, 5'-AAAATCTAGACAAATACTGAACTGGCCGATCCCC-3' (Sequence No. 19) was used as the forward primer, and 5'-AAAATCTAGA TGTTGGCCCCAGTATGGTGATCAT-3' (Sequence No. 20) as the reverse primer (*Xba*I site is added to each 5' terminus). Amplification, cloning and nucleotide sequence determination of cDNA were carried out by the same methods of Example 1. The thus revealed sequence is shown in Sequence No. 25 of the Sequence Listing.

[0095] This sequence contains an open reading frame of 1,119 bases (from the 1st position to the 1119th position of Sequence No. 25). An amino acid sequence (373 amino acids) deduced from the open reading frame is shown in Sequence No. 26 of the Sequence Listing. Since the deduced amino acid sequence coincided in 99% frequency with the human SREB3, it was found that this gene encodes rSREB3.

(Example 5) Preparation of antibody for human SREB1

[0096] A partial amino acid sequence of human SREB1 was fused with glutathione-S-transferase (GST) and used as the immunization antigen for the preparation of antibody for human SREB1. Illustratively, a cDNA fragment corresponding to a region of from the 208th position to the 282nd position (3LO) and a region of from the 351st position to the 375th position (C24) of the human SREB1 amino acid sequence (Sequence No. 2) was amplified by PCR in a way to bind cleavage sites of restriction enzymes *Bam*HI and *Xho*I, and inserted between *Bam*HI and *Xho*I sites of GST Gene Fusion Vector (pGEX-5X-1; Amersham-Pharmacia). Competent cells of an *Escherichia coli* strain

BL21(DE3)pLysS (Novagen) were transformed with the thus constructed plasmid. By culturing the transformant and inducing expression of the gene with 1 mM IPTG, a GST-3LO fusion protein and a GST-C24 fusion protein were expressed in the *E. coli* cells. The GST-3LO and GST-C24 were purified from disrupted *E. coli* cells using Glutathione Sepharose 4B (Amersham-Pharmacia) in accordance with the instruction attached thereto.

[0097] The thus purified GST-3LO fusion protein was mixed with the same amount of Freund's complete adjuvant (CalBioChem) and emulsified, and the emulsion was administered to a female white Leghorn (140 days of age) at around the bursa of Fabricius. The initial dose was 1 mg, and it was administered thereafter in 0.5 mg portions 4 times at intervals of 2 weeks. After the final immunization, eggs were collected, the yolk of eggs was diluted with physiological saline and defatted using dextran sulfate, and then IgY was purified using DEAE Sepharose (Amersham-Pharmacia) to obtain anti-3LO antibody. Also, the purified GST-C24 fusion protein was mixed with the same amount of TiterMax Gold (CytRX) and emulsified, and the emulsion was administered under the dorsal skin of a Japanese white rabbit (6 weeks of age). Its initial dose was 1 mg, and it was administered thereafter in 0.5 mg portions 2 times at intervals of 2 weeks. After the final immunization, blood was collected, and IgG was purified from the serum using Protein G Sepharose (Amersham-Pharmacia) in accordance with the instruction attached thereto, thereby obtaining anti-C24 antibody.

[0098] Since the anti-3LO antibody uses a region of from the 208th position to the 282nd position of the human SREB1 amino acid sequence (Sequence No. 2) as the antigen and this partial amino acid sequence contains a large number of sequences common to SREB1, SREB2 and SREB3 (cf. Fig. 1), there is a possibility that the anti-3LO antibody commonly recognizes SREB1, SREB2 and SREB3. Also, since the anti-C24 antibody uses a region of from the 351st position to the 375th position of the human SREB1 amino acid sequence (Sequence No. 2) as the antigen and this partial amino acid sequence is a sequence in which SREB2 and 3 are not present but SREB1 alone is present (cf. Fig. 1), there is a possibility that the anti-C24 antibody recognizes only SREB1. In consequence, in order to confirm the specificity of anti-3LO antibody and anti-C24 antibody, Western blotting was carried out using the immune precipitate of anti-FLAG antibody of 293-EBNA in which SREB1, SREB2 or SREB3 was expressed, prepared in Example 3, and the anti-3LO antibody and anti-C24 antibody.

[0099] Illustratively, each sample was subjected to electrophoresis using SDS/10%-20% acrylamide gel (Daichi Pure Chemicals) and then transferred on a PVDF membrane using a blotting apparatus. The PVDF membrane after the transfer was subjected to blocking and then allowed to react with 10 µg/ml of the anti-3LO antibody and a horseradish peroxidase-labeled rabbit anti-chicken IgG polyclonal antibody (Zymed) in that order or with 10 µg/ml of the anti-C24 antibody and a horseradish peroxidase-labeled goat anti-rabbit IgG polyclonal antibody (MBL) in that order. After the reaction, color development was carried out using ECL Western Blotting Detection System (Amersham-Pharmacia). A band reacting with the anti-3LO antibody was detected at the same position of the anti-FLAG antibody of Example 3 in cells in which pCEP4-FL-SREB1, pCEP4-FL-SREB2 or pCEP4-FL-SREB3 (Fig. 9) was introduced. Also, a band reacting with the anti-C24 antibody was detected at the same position of the anti-FLAG antibody of Example 3 only in the cells in which pCEP4-FL-SREB1 was introduced (Fig. 10).

[0100] Based on the above results, it was confirmed that the anti-3LO antibody is an antibody which recognizes SREB1, SREB2 or SREB3, and the anti-C24 antibody is an antibody which recognizes only SREB1. The use of these antibodies has rendered possible the detection of natural SREB1, SREB2 or SREB3 by the method such as the Western blotting, immunohistological staining or the like.

(Example 6) Evaluation of transcription activity via cAMP-response element (CRE) or serum response element (SRE) in human SREB1-, SREB2- or SREB3-introduced cells

[0101] Increase in the transcription activity mediated by CRE or SRE is induced by the activation of the intracellular information transmission system of various G protein-coupled receptors (Lolait, S.J. *et al.* (1992), *Nature*, 357, 336 - 339; Hoeltzel, W.L. *et al.* (1997), *Am. J. Physiol.*, 273, C2037 - C2045; An, S. *et al.* (1998), *J. Biol. Chem.*, 273, 7906 - 7910). Also, it is known that the intracellular information transmission system of G protein-coupled receptors is partially activated via a certain transitional active conformation even in the absence of agonist (Kenakin, T. (1995), *Trends. Pharmacol. Sci.*, 16, 188 - 192). Accordingly, if changes in the CRE- or SRE-mediated transcription activity in SREB1-, SREB2- or SREB3-introduced cells are found even in the absence of agonist, it can be confirmed that the G protein-coupled receptor is functional and that activation of the G protein-coupled receptor intracellular information transmission system leads to the CRE- and SRE-mediated transcription activity.

[0102] Using pEF-BOS (Mizushima, S. and Nagata, S. (1990), *Nucleic Acids Res.*, 18, 5322) as the expression vector for expressing human SREB1, SREB2 or SREB3, pEF-BOS-SREB1, pEF-BOS-SREB2 and pEF-BOS-SREB3 were prepared. A 8×10^4 cells portion of 293-EBNA (Invitrogen) was inoculated into a 24-well plate and cultured for 1 day, and then gene transfer of 250 ng of pEF-BOS-SREB1, pEF-BOS-SREB2, pEF-BOS-SREB3 or pEF-BOS (vector alone) was carried out together with 25 ng of a CRE-reporter plasmid pCRE-Luc (Stratagene) or an SRE-reporter plasmid pSRE-Luc (Stratagene), using FuGENE6 (Boehringer Mannheim) (3 wells for each). After the gene transfer, the cells were lysed at every 12 hours using PicaGene Cell Culture Lysis Reagent Luc (Nippon Gene), and the activity of luci-

ferase produced from each reporter plasmid was measured using PicaGene Luminescence Kit (Nippon Gene).

[0103] The luciferase activity in the SREB1-, SREB2- or SREB3-introduced cells after 24 hours of the gene transfer was treated as a relative activity to the luciferase activity of the vector alone introduced cells (control) (the control was defined as 1), with the results shown in Fig. 11 (pCRE-Luc derived luciferase activity) and Fig. 12 (pSRE-Luc derived luciferase activity). The CRE-mediated transcription activity increased most sharply in the SREB1-introduced cells and also increased significantly in the SREB2- and SREB3-introduced cells in comparison with the control. On the other hand, the SRE-mediated transcription activity increased most sharply in the SREB2-introduced cells and also increased significantly in the SREB1- and SREB3-introduced cells in comparison with the control.

[0104] It was revealed by these results that the SREB1, SREB2 and SREB3 are functional receptors, and activation of the intracellular information transmission system of these G protein-coupled receptors leads to the increase in the CRE- or SRE-mediated transcription activity.

Industrial Applicability

[0105] Novel G protein-coupled receptor family proteins SREB1, SREB2 and SREB3 expressing in the central nervous system, genes coding for these proteins, vectors containing these genes, host cells containing these vectors and methods for producing these G protein-coupled receptor proteins were provided by the present invention.

[0106] Also, it rendered possible to screen new medicaments, particularly new therapeutic agents for central nervous system diseases, through the screening of compounds, peptides and antibodies capable of modifying activities of the G protein-coupled receptor proteins of the invention by allowing the G protein-coupled receptors to contact with drugs to be tested.

[0107] Regarding the medicament of the invention which contains, as the active ingredient, a compound, peptide or antibody capable of specifically modifying activity of the G protein-coupled receptor proteins expressing in the central nervous system, its usefulness as therapeutic agents and the like for functional/organic diseases of the central nervous system. Also, since the G protein-coupled receptor family proteins of the invention are expressed not only in the central nervous system but also in the urinary organ/reproductive organ system, usefulness as therapeutic drugs and the like for diseases related to the urinary organ/reproductive organ system can be expected from the medicament which contains, as the active ingredient, a compound, peptide or antibody capable of specifically modifying their activities. In addition, since a member of the G protein-coupled receptors of the invention, such as SREB1 protein, is expressed not only in the central nervous system and urinary organ/reproductive organ system but also in the heart and peripheral leukocytes, a medicament which contains, as the active ingredient, a compound, peptide or antibody capable of specifically modifying the activity of SREB1 protein can be expected for its usefulness as therapeutic drugs and the like for circulatory system diseases and immune inflammation system diseases, in addition to central diseases and diseases related to the urinary organ/reproductive organ system.

[0108] The novel G protein-coupled receptor family SREB1, SREB2 or SREB3 of the invention has markedly high conservation ratio of amino acids in human and rat. This conservation ratio is most highest among the existing G protein-coupled receptor families, which seems to show that the novel G protein-coupled receptor family of SREB1, SREB2 and SREB3 is taking important roles in the living body, particularly a physiological role in the central nervous system. Also, since their amino acid sequences have a conservation ratio of 97% or more in human and rat, it is considered that almost no interspecies differences are present regarding activities of drugs which act upon the novel G protein-coupled receptor family SREB1, SREB2 or SREB3. In consequence, when the G protein-coupled receptor protein of the invention itself or a compound or protein obtained by a screening using the receptor is developed as a medicament, the receptor has an advantage in that animal experiments using rats, for example, can be carried out in advance, prior to testing pharmacological effects on human, and is useful in terms that clinical data on human can be easily predicted from the animal experiment data.

[0109] Since expression of the G protein-coupled receptor proteins of the invention in organs and changes thereof can be detected by the method such as ELISA, radioimmunoassay, the Western blotting and the like using the antibodies, these antibodies for the novel G-protein coupled receptor proteins are useful as diagnostic agents. In addition, the antibodies capable of modifying activities of the novel G protein-coupled receptor proteins are useful as therapeutic drugs for diseases in which the novel G protein-coupled receptor proteins are involved and also as tools for the separation and purification of the receptor proteins.

SEQUENCE LIST

<110> Yamanouchi Pharmaceutical Co., Ltd.

<120> A novel G protein coupled receptor protein

<130> Y9905-PCT

<150> JP P1998-060245

<151> 1998-03-12

<150> JP P1999-026774

<151> 1999-02-03

<160> 26

<170> PatentIn Ver. 2.0

<210> 1

<211> 1128

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (1).. (1125)

<223> SREB1

<400> 1

atg gcg aac gcg agc gag ccg ggt ggc agc ggc ggc gag gcg gcc 48
Met Ala Asn Ala Ser Glu Pro Gly Gly Ser Gly Gly Gly Glu Ala Ala
1 5 10 15

gcc ctg ggc ctc aag ctg gcc acg ctc agc ctg ctg ctg tgc gtg agc 96
Ala Leu Gly Leu Lys Leu Ala Thr Leu Ser Leu Leu Cys Val Ser
20 25 30

cta gcg ggc aac gtg ctg ttc gcg ctg ctg atc gtg cgg gag cgc agc 144
Leu Ala Gly Asn Val Leu Phe Ala Leu Leu Ile Val Arg Glu Arg Ser
35 40 45

ctg cac cgc gcc ccg tac tac ctg ctg ctc gac ctg tgc ctg gcc gac 192
Leu His Arg Ala Pro Tyr Tyr Leu Leu Leu Asp Leu Cys Leu Ala Asp
50 55 60

ggg ctg cgc gcg ctc gcc tgc ctc ccg gcc gtc atg ctg gcg gcg ccg 240
Gly Leu Arg Ala Leu Ala Cys Leu Pro Ala Val Met Leu Ala Ala Arg
65 70 75 80

cgt gcg gcg gcc gcg gcg ggg gcg ccg ccg ggc gcg ctg ggc tgc aag 288
Arg Ala Ala Ala Ala Gly Ala Pro Pro Gly Ala Leu Gly Cys Lys
85 90 95

ctg ctc gcc ttc ctg gcc gcg ctc ttc tgc ttc cac gcc gcc ttc ctg 336
Leu Leu Ala Phe Leu Ala Ala Leu Phe Cys Phe His Ala Ala Phe Leu
100 105 110

EP 1 067 183 A1

5
 ctg ctg ggc gtg ggc gtc acc cgc tac ctg gcc atc gcg cac cac cgc 384
 Leu Leu Gly Val Gly Val Thr Arg Tyr Leu Ala Ile Ala His His Arg
 115 120 125
 ttc tat gca gag cgc ctg gcc ggc tgg ccg tgc gcc gcc atg ctg gtg 432
 Phe Tyr Ala Glu Arg Leu Ala Gly Trp Pro Cys Ala Ala Met Leu Val
 130 135 140
 10
 tgc gcc gcc tgg gcg ctg gcg ctg gcc gcg gcc ttc ccg cca gtg ctg 480
 Cys Ala Ala Trp Ala Leu Ala Leu Ala Ala Ala Phe Pro Pro Val Leu
 145 150 155 160
 15
 gac ggc ggt ggc gac gac gag gac gcg ccg tgc gcc ctg gag cag cgg 528
 Asp Gly Gly Gly Asp Asp Glu Asp Ala Pro Cys Ala Leu Glu Gln Arg
 165 170 175
 20
 ccc gac ggc gcc ccc ggc gcg ctg gcc ttc ctg ctg ctg ctg gcc gtg 576
 Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Leu Gly Phe Leu Leu Leu Leu Ala Val
 180 185 190
 gtg gtg ggc gcc acg cac ctg gtc tac ctg cgc ctg ctg ttc ttc atc 624
 Val Val Gly Ala Thr His Leu Val Tyr Leu Arg Leu Leu Phe Phe Ile
 195 200 205
 25
 cac gac cgc cgc aag atg cgg ccc gcg cgc ctg gtg ccc gcc gtc agc 672
 His Asp Arg Arg Lys Met Arg Pro Ala Arg Leu Val Pro Ala Val Ser
 210 215 220
 30
 cac gac tgg acc ttc cac ggc ccg ggc gcc acc ggc cag gcg gcc gcc 720
 His Asp Trp Thr Phe His Gly Pro Gly Ala Thr Gly Gln Ala Ala Ala
 225 230 235 240
 aac tgg acg gcg ggc ttc ggc cgc ggc ccc acg ccg ccc gcg ctt gtg 768
 Asn Trp Thr Ala Gly Phe Gly Arg Gly Pro Thr Pro Pro Ala Leu Val
 245 250 255
 35
 ggc atc cgg ccc gca ggg ccg ggc cgc ggc gcg cgc cgc ctg ctg gtg 816
 Gly Ile Arg Pro Ala Gly Pro Gly Arg Gly Ala Arg Arg Leu Leu Val
 260 265 270
 40
 ctg gaa gaa ttc aag acg gag aag agg ctg tgc aag atg ttc tac gcc 864
 Leu Glu Glu Phe Lys Thr Glu Lys Arg Leu Cys Lys Met Phe Tyr Ala
 275 280 285
 45
 gtc acg ctg ctg ttc ctg ctg ctg tgg ggg ccc tac gtc gtg gcc agc 912
 Val Thr Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Gly Pro Tyr Val Val Ala Ser
 290 295 300
 tac ctg cgg gtc ctg gtg cgg ccc ggc gcc gtc ccc cag gcc tac ctg 960
 Tyr Leu Arg Val Leu Val Arg Pro Gly Ala Val Pro Gln Ala Tyr Leu
 305 310 315 320
 50
 acg gcc tcc gtg tgg ctg acc ttc gcg cag gcc ggc atc aac ccc gtc 1008
 Thr Ala Ser Val Trp Leu Thr Phe Ala Gln Ala Gly Ile Asn Pro Val
 325 330 335
 55

EP 1 067 183 A1

gtg tgc ttc ctc ttc aac agg gag ctg agg gac tgc ttc agg gcc cag 1056
Val Cys Phe Leu Phe Asn Arg Glu Leu Arg Asp Cys Phe Arg Ala Gln
340 345 350

ttc ccc tgc tgc cag agc ccc cgg acc acc cag gcg acc cat ccc tgc 1104
Phe Pro Cys Cys Gln Ser Pro Arg Thr Thr Gln Ala Thr His Pro Cys
355 360 365

gac ctg aaa ggc att ggt tta tga 1128
Asp Leu Lys Gly Ile Gly Leu
370 375

<210> 2
<211> 375
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 2
Met Ala Asn Ala Ser Glu Pro Gly Gly Ser Gly Gly Gly Glu Ala Ala
1 5 10 15

Ala Leu Gly Leu Lys Leu Ala Thr Leu Ser Leu Leu Cys Val Ser
20 25 30

Leu Ala Gly Asn Val Leu Phe Ala Leu Leu Ile Val Arg Glu Arg Ser
35 40 45

Leu His Arg Ala Pro Tyr Tyr Leu Leu Leu Asp Leu Cys Leu Ala Asp
50 55 60

Gly Leu Arg Ala Leu Ala Cys Leu Pro Ala Val Met Leu Ala Ala Arg
65 70 75 80

Arg Ala Ala Ala Ala Ala Gly Ala Pro Pro Gly Ala Leu Gly Cys Lys
85 90 95

Leu Leu Ala Phe Leu Ala Ala Leu Phe Cys Phe His Ala Ala Phe Leu
100 105 110

Leu Leu Gly Val Gly Val Thr Arg Tyr Leu Ala Ile Ala His His Arg
115 120 125

Phe Tyr Ala Glu Arg Leu Ala Gly Trp Pro Cys Ala Ala Met Leu Val
130 135 140

Cys Ala Ala Trp Ala Leu Ala Leu Ala Ala Ala Phe Pro Pro Val Leu
145 150 155 160

Asp Gly Gly Gly Asp Asp Glu Asp Ala Pro Cys Ala Leu Glu Gln Arg
165 170 175

Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Leu Gly Phe Leu Leu Leu Ala Val
180 185 190

EP 1 067 183 A1

Val Val Gly Ala Thr His Leu Val Tyr Leu Arg Leu Leu Phe Phe Ile
195 200 205

5 His Asp Arg Arg Lys Met Arg Pro Ala Arg Leu Val Pro Ala Val Ser
210 215 220

His Asp Trp Thr Phe His Gly Pro Gly Ala Thr Gly Gln Ala Ala Ala
225 230 235 240

10 Asn Trp Thr Ala Gly Phe Gly Arg Gly Pro Thr Pro Pro Ala Leu Val
245 250 255

Gly Ile Arg Pro Ala Gly Pro Gly Arg Gly Ala Arg Arg Leu Leu Val
260 265 270

15 Leu Glu Glu Phe Lys Thr Glu Lys Arg Leu Cys Lys Met Phe Tyr Ala
275 280 285

Val Thr Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Gly Pro Tyr Val Val Ala Ser
290 295 300

Tyr Leu Arg Val Leu Val Arg Pro Gly Ala Val Pro Gln Ala Tyr Leu
305 310 315 320

25 Thr Ala Ser Val Trp Leu Thr Phe Ala Gln Ala Gly Ile Asn Pro Val
325 330 335

Val Cys Phe Leu Phe Asn Arg Glu Leu Arg Asp Cys Phe Arg Ala Gln
340 345 350

30 Phe Pro Cys Cys Gln Ser Pro Arg Thr Thr Gln Ala Thr His Pro Cys
355 360 365

Asp Leu Lys Gly Ile Gly Leu
370 375

35

<210> 3
<211> 1113
<212> DNA
<213> Homo sapiens

40

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1110)
<223> SREB2

45

<400> 3
atg gcg aac tat agc cat gca gct gac aac att ttg caa aat ctc tcg 48
Met Ala Asn Tyr Ser His Ala Ala Asp Asn Ile Leu Gln Asn Leu Ser
1 5 10 15

50 cct cta aca gcc ttt ctg aaa ctg act tcc ttg ggt ttc ata ata gga 96
Pro Leu Thr Ala Phe Leu Lys Leu Thr Ser Leu Gly Phe Ile Ile Gly
20 25 30

55

EP 1 067 183 A1

5	gic agc gic gic ggc aac Val Ser Val Val Gly Asn 35	ctc ctg atc tcc att ttg cta gtc aaa gat Leu Leu Ile Ser Ile Leu Leu Val Lys Asp 40 45	144
10	aag acc ttg cat aga gca Lys Thr Leu His Arg Ala 50	cct tac tac ttc ctg ttg gat ctt tgc tgt Pro Tyr Tyr Phe Leu Leu Asp Leu Cys Cys 55 60	192
15	tca gat atc ctc aga tct Ser Asp Ile Leu Arg Ser 65	gca att tgt ttc cca ttt gic ttc aac tct Ala Ile Cys Phe Pro Phe Val Phe Asn Ser 70 75 80	240
20	gic aaa aat ggc tct acc Val Lys Asn Gly Ser Thr 85	tgg act tat ggg act ctg act tgc aaa gic Trp Thr Tyr Gly Thr Leu Thr Cys Lys Val 90 95	288
25	att gcc ttt ctg ggg gtt Ile Ala Phe Leu Gly Val 100	tig tcc tgt ttc cac act gct ttc atg ctc Leu Ser Cys Phe His Thr Ala Phe Met Leu 105 110	336
30	ttc tgc atc agt gtc acc Phe Cys Ile Ser Val Thr 115	aga tac tta gct atc gcc cat cac cgc ttc Arg Tyr Leu Ala Ile Ala His His Arg Phe 120 125	384
35	tat aca aag agg ctg acc Tyr Thr Lys Arg Leu Thr 130	ttt tgg acg tgt ctg gct gtc atc tgt atg Phe Trp Thr Cys Leu Ala Val Ile Cys Met 135 140	432
40	gic tgg act ctg tct gtc gcc Val Trp Thr Leu Ser Val Ala 145	atg gca ttt ccc ccg gtt tta gac gtc Met Ala Phe Pro Pro Val Leu Asp Val 150 155 160	480
45	ggc act tac tca ttc att Gly Thr Tyr Ser Phe Ile 165	agg gag gaa gat caa tgc acc ttc caa cac Arg Glu Glu Asp Gln Cys Thr Phe Gln His 170 175	528
50	cgc tcc ttc agg gct aat Arg Ser Phe Arg Ala Asn 180	gat tcc tta gga ttt atg ctg ctt ctt gct Asp Ser Leu Gly Phe Met Leu Leu Leu Ala 185 190	576
55	ctc atc ctc cta gcc aca Leu Ile Leu Leu Ala Thr 195	cag ctt gtc tac ctc aag ctg ata tti ttc Gln Leu Val Tyr Leu Lys Leu Ile Phe Phe 200 205	624
	gic cac gat cga aga aaa Val His Asp Arg Arg Lys 210	agg aag cca gtc cag ttt gta gca gca gtc Met Lys Pro Val Gln Phe Val Ala Ala Val 215 220	672
	agc cag aac tgg act ttt Ser Gln Asn Trp Thr Phe 225	cat ggt cct gga gcc agt ggc cag gca gct His Gly Pro Gly Ala Ser Gly Gln Ala Ala 230 235 240	720
	gcc aat tgg cta gca gga Ala Asn Trp Leu Ala Gly 245	ttt gga agg ggt ccc aca cca ccc acc ttg Phe Gly Arg Gly Pro Thr Pro Thr Leu 250 255	768

5	ctg ggc atc agg caa aat Leu Gly Ile Arg Gln Asn 260	gca aac acc aca ggc aga aga agg cta ttg Ala Asn Thr Thr Gly Arg Arg Arg Leu Leu 265	816 270
10	gtc tta gac gag ttc aaa Val Leu Asp Glu Phe Lys 275	atg gag aaa aga atc agc aga atg ttc tat Met Glu Lys Arg Ile Ser Arg Met Phe Tyr 280	864 285
15	ata atg act ttt ctg ttt Ile Met Thr Phe Leu Phe 290	cta acc ttg tgg ggc ccc tac ctg gtg gcc Leu Thr Leu Trp Gly Pro Tyr Leu Val Ala 295	912 300
20	tgt tat tgg aga gtt ttt Cys Tyr Trp Arg Val Phe 305	gca aga ggg cct gta gta cca ggg gga ttt Ala Arg Gly Pro Val Val Pro Gly Gly Phe 310	960 315 320
25	cta aca gct gct gtc tgg Leu Thr Ala Ala Val Trp 325	atg agt ttt gcc caa gca gga atc aat cct Met Ser Phe Ala Gln Ala Gly Ile Asn Pro 330	1008 335
30	ttt gtc tgc att ttc tca Phe Val Cys Ile Phe Ser 340	aac agc gag ctg agg cgc tgt ttc agc aca Asn Arg Glu Leu Arg Arg Cys Phe Ser Thr 345	1056 350
35	acc ctt ctt tac tgc aga Thr Leu Leu Tyr Cys Arg 355	aaa tcc agg tta cca agg gaa cct tac tgt Lys Ser Arg Leu Pro Arg Glu Pro Tyr Cys 360	1104 365
40	gtt ata tga Val Ile 370		1113
45	<210> 4 <211> 370 <212> PRT <213> Homo sapiens		
50	<400> 4 Met Ala Asn Tyr Ser His 1	Ala Ala Asp Asn Ile Leu Gln Asn Leu Ser 5	10 15
55	Pro Leu Thr Ala Phe Leu 20	Lys Leu Thr Ser Leu Gly Phe Ile Ile Gly 25	30
	Val Ser Val Val Gly Asn 35	Leu Leu Ile Ser Ile Leu Leu Val Lys Asp 40	45
	Lys Thr Leu His Arg Ala 50	Pro Tyr Tyr Phe Leu Leu Asp Leu Cys Cys 55	60
	Ser Asp Ile Leu Arg Ser 65	Ala Ile Cys Phe Pro Phe Val Phe Asn Ser 70	75 80
	Val Lys Asn Gly Ser Thr 85	Trp Thr Tyr Gly Thr Leu Thr Cys Lys Val 90	95

EP 1 067 183 A1

Ile Ala Phe Leu Gly Val Leu Ser Cys Phe His Thr Ala Phe Met Leu
100 105 110

Phe Cys Ile Ser Val Thr Arg Tyr Leu Ala Ile Ala His His Arg Phe
115 120 125

Tyr Thr Lys Arg Leu Thr Phe Trp Thr Cys Leu Ala Val Ile Cys Met
130 135 140

Val Trp Thr Leu Ser Val Ala Met Ala Phe Pro Pro Val Leu Asp Val
145 150 155 160

Gly Thr Tyr Ser Phe Ile Arg Glu Glu Asp Gln Cys Thr Phe Gln His
165 170 175

Arg Ser Phe Arg Ala Asn Asp Ser Leu Gly Phe Met Leu Leu Ala
180 185 190

Leu Ile Leu Leu Ala Thr Gln Leu Val Tyr Leu Lys Leu Ile Phe Phe
195 200 205

Val His Asp Arg Arg Lys Met Lys Pro Val Gln Phe Val Ala Ala Val
210 215 220

Ser Gln Asn Trp Thr Phe His Gly Pro Gly Ala Ser Gly Gln Ala Ala
225 230 235 240

Ala Asn Trp Leu Ala Gly Phe Gly Arg Gly Pro Thr Pro Pro Thr Leu
245 250 255

Leu Gly Ile Arg Gln Asn Ala Asn Thr Thr Gly Arg Arg Arg Leu Leu
260 265 270

Val Leu Asp Glu Phe Lys Met Glu Lys Arg Ile Ser Arg Met Phe Tyr
275 280 285

Ile Met Thr Phe Leu Phe Leu Thr Leu Trp Gly Pro Tyr Leu Val Ala
290 295 300

Cys Tyr Trp Arg Val Phe Ala Arg Gly Pro Val Val Pro Gly Gly Phe
305 310 315 320

Leu Thr Ala Ala Val Trp Met Ser Phe Ala Gln Ala Gly Ile Asn Pro
325 330 335

Phe Val Cys Ile Phe Ser Asn Arg Glu Leu Arg Arg Cys Phe Ser Thr
340 345 350

Thr Leu Leu Tyr Cys Arg Lys Ser Arg Leu Pro Arg Glu Pro Tyr Cys
355 360 365

Val Ile
370

5 <210> 5
 <211> 1122
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

 10 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1119)
 <223> SREB3

 <400> 5
 atg gcc aac act acc gga gag cct gag gag gtg agc ggc gct ctg tcc 48
 Met Ala Asn Thr Thr Gly Glu Pro Glu Glu Val Ser Gly Ala Leu Ser
 1 5 10 15
 15 cca ccg tcc gca tca gct tat gtg aag ctg gta ctg ctg gga ctg att 96
 Pro Pro Ser Ala Ser Ala Tyr Val Lys Leu Val Leu Leu Gly Leu Ile
 20 25 30
 20 atg tgc gtg agc ctg gcg ggt aac gcc atc ttg tcc ctg ctg gtg ctc 144
 Met Cys Val Ser Leu Ala Gly Asn Ala Ile Leu Ser Leu Leu Val Leu
 35 40 45
 25 aag gag cgt gcc ctg cac aag gct cct tac tac ttc ctg ctg gac ctg 192
 Lys Glu Arg Ala Leu His Lys Ala Pro Tyr Tyr Phe Leu Leu Asp Leu
 50 55 60
 tgc ctg gcc gat ggc ata cgc tct gcc gtc tgc ttc ccc ttt gtg ctg 240
 Cys Leu Ala Asp Gly Ile Arg Ser Ala Val Cys Phe Pro Phe Val Leu
 65 70 75 80
 30 gct tct gtg cgc cac ggc tct tca tgg acc ttc agt gca ctc agc tgc 288
 Ala Ser Val Arg His Gly Ser Ser Trp Thr Phe Ser Ala Leu Ser Cys
 85 90 95
 35 aag att gtg gcc ttt atg gcc gtg ctc ttt tgc ttc cat gcg gcc ttc 336
 Lys Ile Val Ala Phe Met Ala Val Leu Phe Cys Phe His Ala Ala Phe
 100 105 110
 atg ctg ttc tgc atc agc gtc acc cgc tac atg gcc atc gcc cac cac 384
 Met Leu Phe Cys Ile Ser Val Thr Arg Tyr Met Ala Ile Ala His His
 115 120 125
 40 cgc ttc tac gcc aag cgc atg aca ctc tgg aca tgc gcg gct gtc atc 432
 Arg Phe Tyr Ala Lys Arg Met Thr Leu Trp Thr Cys Ala Ala Val Ile
 130 135 140
 45 tgc atg gcc tgg acc ctg tct gtg gcc atg gcc ttc cca cct gtc ttt 480
 Cys Met Ala Trp Thr Leu Ser Val Ala Met Ala Phe Pro Pro Val Phe
 145 150 155 160
 50 gac gtg ggc acc tac aag ttt att cgg gag gag gac cag tgc atc ttt 528
 Asp Val Gly Thr Tyr Lys Phe Ile Arg Glu Glu Asp Gln Cys Ile Phe
 165 170 175
 gag cat cgc tac ttc aag gcc aat gac acg ctg ggc ttc atg ctt atg 576

EP 1 067 183 A1

	Glu His Arg Tyr Phe Lys Ala Asn Asp Thr Leu Gly Phe Met Leu Met	
	180 185 190	
5	ttg gct gtg ctc atg gca gct acc cat gct gtc tac ggc aag ctg ctc	624
	Leu Ala Val Leu Met Ala Ala Thr His Ala Val Tyr Gly Lys Leu Leu	
	195 200 205	
10	ctc ttc gag tat cgt cac cgc aag atg aag cca gtc cag atg gtc cca	672
	Leu Phe Glu Tyr Arg His Arg Lys Met Lys Pro Val Gln Met Val Pro	
	210 215 220	
15	gcc atc agc cag aac tgg aca ttc cat ggt ccc ggc gcc acc ggc cag	720
	Ala Ile Ser Gln Asn Trp Thr Phe His Gly Pro Gly Ala Thr Gly Gln	
	225 230 235 240	
20	gct gct gcc aac tgg atc gcc ggc ttt ggc cgt ggc ccc atg cca cca	768
	Ala Ala Ala Asn Trp Ile Ala Gly Phe Gly Arg Gly Pro Met Pro Pro	
	245 250 255	
25	acc ctg ctg ggt atc cgg cag aat ggg cat gca gcc agc cgg cgg cta	816
	Thr Leu Leu Gly Ile Arg Gln Asn Gly His Ala Ala Ser Arg Arg Leu	
	260 265 270	
30	ctg ggc atg gac gag gtc aag ggt gaa aag cag ctg ggc cgc atg ttc	864
	Leu Gly Met Asp Glu Val Lys Gly Glu Lys Gln Leu Gly Arg Met Phe	
	275 280 285	
35	tac gcg atc aca ctg ctc ttt ctg ctc ctc tgg tca ccc tac atc gtg	912
	Tyr Ala Ile Thr Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Ser Pro Tyr Ile Val	
	290 295 300	
40	gcc tgc tac tgg cga gtg ttt gtg aaa gcc tgt gct gtg ccc cac cgc	960
	Ala Cys Tyr Trp Arg Val Phe Val Lys Ala Cys Ala Val Pro His Arg	
	305 310 315 320	
45	tac ctg gcc act gct gtt tgg atg agc ttc gcc cag gct gcc gtc aac	1008
	Tyr Leu Ala Thr Ala Val Trp Met Ser Phe Ala Gln Ala Ala Val Asn	
	325 330 335	
50	cca att gtc tgc ttc ctg ctc aac aag gac ctc aag aag tgc ctg agg	1056
	Pro Ile Val Cys Phe Leu Leu Asn Lys Asp Leu Lys Lys Cys Leu Arg	
	340 345 350	
55	act cac gcc ccc tgc tgg ggc aca gga ggt gcc ccg gct ccc aga gaa	1104
	Thr His Ala Pro Cys Trp Gly Thr Gly Gly Ala Pro Ala Pro Arg Glu	
	355 360 365	
60	ccc tac tgt gtc atg tga	1122
	Pro Tyr Cys Val Met	
	370	
65	<210> 6	
	<211> 373	
	<212> PRT	
	<213> Homo sapiens	

EP 1 067 183 A1

<400> 6

Met Ala Asn Thr Thr Gly Glu Pro Glu Glu Val Ser Gly Ala Leu Ser
1 5 10 15

Pro Pro Ser Ala Ser Ala Tyr Val Lys Leu Val Leu Leu Gly Leu Ile
20 25 30

Met Cys Val Ser Leu Ala Gly Asn Ala Ile Leu Ser Leu Leu Val Leu
35 40 45

Lys Glu Arg Ala Leu His Lys Ala Pro Tyr Tyr Phe Leu Leu Asp Leu
50 55 60

Cys Leu Ala Asp Gly Ile Arg Ser Ala Val Cys Phe Pro Phe Val Leu
65 70 75 80

Ala Ser Val Arg His Gly Ser Ser Trp Thr Phe Ser Ala Leu Ser Cys
85 90 95

Lys Ile Val Ala Phe Met Ala Val Leu Phe Cys Phe His Ala Ala Phe
100 105 110

Met Leu Phe Cys Ile Ser Val Thr Arg Tyr Met Ala Ile Ala His His
115 120 125

Arg Phe Tyr Ala Lys Arg Met Thr Leu Trp Thr Cys Ala Ala Val Ile
130 135 140

Cys Met Ala Trp Thr Leu Ser Val Ala Met Ala Phe Pro Pro Val Phe
145 150 155 160

Asp Val Gly Thr Tyr Lys Phe Ile Arg Glu Glu Asp Gln Cys Ile Phe
165 170 175

Glu His Arg Tyr Phe Lys Ala Asn Asp Thr Leu Gly Phe Met Leu Met
180 185 190

Leu Ala Val Leu Met Ala Ala Thr His Ala Val Tyr Gly Lys Leu Leu
195 200 205

Leu Phe Glu Tyr Arg His Arg Lys Met Lys Pro Val Gln Met Val Pro
210 215 220

Ala Ile Ser Gln Asn Trp Thr Phe His Gly Pro Gly Ala Thr Gly Gln
225 230 235 240

Ala Ala Ala Asn Trp Ile Ala Gly Phe Gly Arg Gly Pro Met Pro Pro
245 250 255

Thr Leu Leu Gly Ile Arg Gln Asn Gly His Ala Ala Ser Arg Arg Leu
260 265 270

Leu Gly Met Asp Glu Val Lys Gly Glu Lys Gln Leu Gly Arg Met Phe
275 280 285

EP 1 067 183 A1

Tyr Ala Ile Thr Leu Leu Phe Leu Leu Trp Ser Pro Tyr Ile Val
290 295 300

Ala Cys Tyr Trp Arg Val Phe Val Lys Ala Cys Ala Val Pro His Arg
305 310 315 320

Tyr Leu Ala Thr Ala Val Trp Met Ser Phe Ala Gln Ala Ala Val Asn
325 330 335

Pro Ile Val Cys Phe Leu Leu Asn Lys Asp Leu Lys Lys Cys Leu Arg
340 345 350

Thr His Ala Pro Cys Trp Gly Thr Gly Gly Ala Pro Ala Pro Arg Glu
355 360 365

Pro Tyr Cys Val Met
370

<210> 7
<211> 31
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence:Forward primer

<400> 7
aaaatctaga cgcatggcg aacgcgagc a 31

<210> 8
<211> 31
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence:reverse primer

<400> 8
aaaatctaga gctatgigg cggggcctcc c 31

<210> 9
<211> 34
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence:Forward primer

<400> 9
aaaatctaga tctatggcga actatagcca tgca 34

<210> 10

5
 <211> 35
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220>
 <223> Description of Artificial Sequence:reverse primer
 <400> 10
 10 aaaatctaga aaggctaaag atttacagat gctcc 35
 <210> 11
 <211> 33
 <212> DNA
 15 <213> Artificial Sequence
 <220>
 <223> Description of Artificial Sequence:Forward primer
 <400> 11
 20 aaaatctaga giatggccaa cactaccgga gag 33
 <210> 12
 <211> 31
 25 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220>
 <223> Description of Artificial Sequence:reverse primer
 <400> 12
 30 aaaatctaga cctgtctgcc taccagcctg c 31
 <210> 13
 <211> 36
 35 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220>
 <223> Description of Artificial Sequence:FLAG epitope
 <400> 13
 40 atggactaca aggacgacga tgacaagggg atcctg 36
 <210> 14
 <211> 12
 45 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence
 <220>
 <223> Description of Artificial Sequence:FLAG epitope
 <400> 14
 50
 55

EP 1 067 183 A1

Met Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Asp Lys Gly Ile Leu
1 5 10

5

<210> 15
<211> 32
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

10

<220>
<223> Description of Artificial Sequence:Forward primer

15

<400> 15
aaaatctaga cggcgatggc gaacgctagt ga 32

20

<210> 16
<211> 33
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence:reverse primer

25

<400> 16
aaaatctaga cactttgaga gtcttgtgaa ggc 33

30

<210> 17
<211> 33
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence:Forward primer

35

<400> 17
aaaatctaga tctatggcga actatagcca tgc 33

40

<210> 18
<211> 35
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence:Forward primer

45

<400> 18
aaaatctaga aaggctaaag atttacagat gctcc 35

50

<210> 19
<211> 34
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

55

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:reverse primer

5

<400> 19

aaaatctaga caaatactga actggccgat cccc

34

10

<210> 20

<211> 34

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

15

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:reverse primer

<400> 20

aaaatctaga tgttggcccc agtatggta tcat

34

20

<210> 21

<211> 1134

<212> DNA

<213> Rattus sp.

25

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1131)

<223> Rat SREB1

30

<400> 21

atg gcg aac gct agt gag cgg ggc ggc ggc ggc ggc ggc ggc gag gct 48
 Met Ala Asn Ala Ser Glu Pro Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ala Glu Ala
 1 5 10 15

35

gcc gcg ctg ggc ctc agg ctg gcc aca ctc agc ctg ctg ctg tgc gtg 96
 Ala Ala Leu Gly Leu Arg Leu Ala Thr Leu Ser Leu Leu Leu Cys Val
 20 25 30

40

agc ctg gcg ggc aac gtg ctg ttc gct ctg ctc atc gtg agg gag cgc 144
 Ser Leu Ala Gly Asn Val Leu Phe Ala Leu Leu Ile Val Arg Glu Arg
 35 40 45

45

agc ctg cac cgc gcg cct tac tac ctg ctg ctc gac ctg tgc ctg gcc 192
 Ser Leu His Arg Ala Pro Tyr Tyr Leu Leu Leu Asp Leu Cys Leu Ala
 50 55 60

50

gac ggc ctg cgc gcg ctc gcc tgt ctc ccg gcc gtc atg ctg gct gcg 240
 Asp Gly Leu Arg Ala Leu Ala Cys Leu Pro Ala Val Met Leu Ala Ala
 65 70 75 80

cgg cgc gcg gca gcc gcg gcg ggc acg cct ccg ggt gcg ctg ggc tgc 288
 Arg Arg Ala Ala Ala Ala Gly Thr Pro Pro Gly Ala Leu Gly Cys
 85 90 95

55

aag ctg ctg gcc ttc ctg gcc gcg ctc ttc tgc ttc cac gcg gcc ttc 336

EP 1 067 183 A1

	Lys Leu Leu Ala Phe Leu Ala Ala Leu Phe Cys Phe His Ala Ala Phe	
	100 105 110	
5	ctg ctg ctg ggc gtc ggc gtc acc cgc tac ctg gcc atc gct cac cac	384
	Leu Leu Leu Gly Val Gly Val Thr Arg Tyr Leu Ala Ile Ala His His	
	115 120 125	
10	cgc ttc tat gcc gag cgc ctg gcc ggc tgg ccg tgc gcc gcc atg ctg	432
	Arg Phe Tyr Ala Glu Arg Leu Ala Gly Trp Pro Cys Ala Ala Met Leu	
	130 135 140	
15	gtg tgc gcc gcc tgg ggc ctg gct ttg gcc gcc gcc ttc ccg ccg gtc	480
	Val Cys Ala Ala Trp Ala Leu Ala Leu Ala Ala Ala Phe Pro Pro Val	
	145 150 155 160	
20	ctg gac ggc ggt ggc gcc gac gac gag gat gcc ccg tgc gcc ctg gag	528
	Leu Asp Gly Gly Ala Asp Asp Glu Asp Ala Pro Cys Ala Leu Glu	
	165 170 175	
25	cag ccg ccc gac ggc gcc ccg ggt gcc cta ggc ttc ctg ctg ctc ctg	576
	Gln Arg Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Leu Gly Phe Leu Leu Leu Leu	
	180 185 190	
30	gcc gcc gtc gtc ggc gcc acc cac ctc gtc tac ctt cgc ctg ctc ttc	624
	Ala Ala Val Val Gly Ala Thr His Leu Val Tyr Leu Arg Leu Leu Phe	
	195 200 205	
35	ttc atc cac gac cgc cgc aag atg ccg ccc gca cgc ctg gtc ccc gcc	672
	Phe Ile His Asp Arg Arg Lys Met Arg Pro Ala Arg Leu Val Pro Ala	
	210 215 220	
40	gtc agc cac gac tgg acc ttc cac gcc ccg ggc gcc acc ggt caa gcc	720
	Val Ser His Asp Trp Thr Phe His Gly Pro Gly Ala Thr Gly Gln Ala	
	225 230 235 240	
45	gcc gcc aac tgg acg gcc ggc ttc gcc cgc ggc ccc acc cca cct gcc	768
	Ala Ala Asn Trp Thr Ala Gly Phe Gly Arg Gly Pro Thr Pro Pro Ala	
	245 250 255	
50	ctc gtc ggc atc agc cct gca ggc ccg ggc cgc gga gcc ccg cgc ctc	816
	Leu Val Gly Ile Arg Pro Ala Gly Pro Gly Arg Gly Ala Arg Arg Leu	
	260 265 270	
55	ctg gtc ctg gag gaa ttc aag acg gag aag agc ctg tgc aag atg ttc	864
	Leu Val Leu Glu Glu Phe Lys Thr Glu Lys Arg Leu Cys Lys Met Phe	
	275 280 285	
60	tac gcc atc acg ctg ctc ttc ctg ctc ctc tgg ggc ccc tat gtc gtt	912
	Tyr Ala Ile Thr Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Gly Pro Tyr Val Val	
	290 295 300	
65	gcc agt tac ctg cgc gtc ctg gtc ccg gcc ggt gtc ccg cag gcc	960
	Ala Ser Tyr Leu Arg Val Leu Val Arg Pro Gly Ala Val Pro Gln Ala	
	305 310 315 320	
70	tac ctg aca gcc tgc gtc tgg ctg aca ttc gca cag gcc ggc atc aac	1008

EP 1 067 183 A1

Tyr Leu Thr Ala Ser Val Trp Leu Thr Phe Ala Gln Ala Gly Ile Asn
 325 330 335
 5 ccc gtg gig tgt ttc ctc ttc aac cgg gag ctg agg gac tgt ttc aga 1056
 Pro Val Val Cys Phe Leu Phe Asn Arg Glu Leu Arg Asp Cys Phe Arg
 340 345 350
 gcc cag ttc ccc tgt tgc cag agc ccc cag gcc acg cag gcc acc ctc 1104
 10 Ala Gln Phe Pro Cys Cys Gln Ser Pro Gln Ala Thr Gln Ala Thr Leu
 355 360 365
 ccc tgc gac ctg aaa gcc att ggt ttg tga 1134
 15 Pro Cys Asp Leu Lys Gly Ile Gly Leu
 370 375
 <210> 22
 <211> 377
 <212> PRT
 20 <213> Rattus sp.
 <400> 22
 Met Ala Asn Ala Ser Glu Pro Gly Gly Gly Gly Gly Ala Glu Ala
 1 5 10 15
 25 Ala Ala Leu Gly Leu Arg Leu Ala Thr Leu Ser Leu Leu Cys Val
 20 25 30
 Ser Leu Ala Gly Asn Val Leu Phe Ala Leu Leu Ile Val Arg Glu Arg
 35 40 45
 30 Ser Leu His Arg Ala Pro Tyr Tyr Leu Leu Leu Asp Leu Cys Leu Ala
 50 55 60
 Asp Gly Leu Arg Ala Leu Ala Cys Leu Pro Ala Val Met Leu Ala Ala
 65 70 75 80
 35 Arg Arg Ala Ala Ala Ala Gly Thr Pro Pro Gly Ala Leu Gly Cys
 85 90 95
 Lys Leu Leu Ala Phe Leu Ala Ala Leu Phe Cys Phe His Ala Ala Phe
 100 105 110
 40 Leu Leu Leu Gly Val Gly Val Thr Arg Tyr Leu Ala Ile Ala His His
 115 120 125
 Arg Phe Tyr Ala Glu Arg Leu Ala Gly Trp Pro Cys Ala Ala Met Leu
 130 135 140
 45 Val Cys Ala Ala Trp Ala Leu Ala Leu Ala Ala Ala Phe Pro Pro Val
 145 150 155 160
 Leu Asp Gly Gly Gly Ala Asp Asp Glu Asp Ala Pro Cys Ala Leu Glu
 165 170 175
 50 Gln Arg Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Leu Gly Phe Leu Leu Leu Leu
 55

EP 1 067 183 A1

	180	185	190
5	Ala Ala Val Val Gly Ala Thr His Leu Val Tyr Leu Arg Leu Leu Phe 195 200 205		
	Phe Ile His Asp Arg Arg Lys Met Arg Pro Ala Arg Leu Val Pro Ala 210 215 220		
10	Val Ser His Asp Trp Thr Phe His Gly Pro Gly Ala Thr Gly Gln Ala 225 230 235 240		
	Ala Ala Asn Trp Thr Ala Gly Phe Gly Arg Gly Pro Thr Pro Pro Ala 245 250 255		
15	Leu Val Gly Ile Arg Pro Ala Gly Pro Gly Arg Gly Ala Arg Arg Leu 260 265 270		
	Leu Val Leu Glu Glu Phe Lys Thr Glu Lys Arg Leu Cys Lys Met Phe 275 280 285		
20	Tyr Ala Ile Thr Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Gly Pro Tyr Val Val 290 295 300		
	Ala Ser Tyr Leu Arg Val Leu Val Arg Pro Gly Ala Val Pro Gln Ala 305 310 315 320		
25	Tyr Leu Thr Ala Ser Val Trp Leu Thr Phe Ala Gln Ala Gly Ile Asn 325 330 335		
	Pro Val Val Cys Phe Leu Phe Asn Arg Glu Leu Arg Asp Cys Phe Arg 340 345 350		
30	Ala Gln Phe Pro Cys Cys Gln Ser Pro Gln Ala Thr Gln Ala Thr Leu 355 360 365		
	Pro Cys Asp Leu Lys Gly Ile Gly Leu 370 375		
35			
40	<210> 23 <211> 1113 <212> DNA <213> Rattus sp.		
	<220> <221> CDS <222> (1)..(1110) <223> Rat SREB2		
45			
	<400> 23 atg gcg aac tat agc cat gca gct gac aac att ttg caa aat ctc tcg 48 Met Ala Asn Tyr Ser His Ala Ala Asp Asn Ile Leu Gln Asn Leu Ser 1 5 10 15		
50			
	cct cta aca gcc ttt ctg aaa ctg act tcc ttg ggt ttc ata ata gga 96 Pro Leu Thr Ala Phe Leu Lys Leu Thr Ser Leu Gly Phe Ile Ile Gly		
55			

EP 1 067 183 A1

	20	25	30	
5	gtc agt gtc gtc ggc aac ctt ctg atc tcc att ttg cta gtc aaa gat Val Ser Val Val Gly Asn Leu Leu Ile Ser Ile Leu Leu Val Lys Asp	144		
	35	40	45	
10	aag acc ttg cat aga gct cct tac tac ttc ctg ctg gat ctg tgc tgc Lys Thr Leu His Arg Ala Pro Tyr Tyr Phe Leu Leu Asp Leu Cys Cys	192		
	50	55	60	
	tca gac atc ctc aga tct gca att tgt ttt cca ttt gla ttc aac tct Ser Asp Ile Leu Arg Ser Ala Ile Cys Phe Pro Phe Val Phe Asn Ser	240		
	65	70	75	80
15	gtc aaa aat ggc tct acc tgg act tac ggc act ctg act tgc aaa gtc Val Lys Asn Gly Ser Thr Trp Thr Tyr Gly Thr Leu Thr Cys Lys Val	288		
	85	90	95	
20	att gcc ttt ctg ggc gtt ttg tcc tgt ttc cac act gcc ttc atg ctc Ile Ala Phe Leu Gly Val Leu Ser Cys Phe His Thr Ala Phe Met Leu	336		
	100	105	110	
	ttc tgc atc agc gtc acc aga tac tta gcc atc gcc cat cac cgc ttc Phe Cys Ile Ser Val Thr Arg Tyr Leu Ala Ile Ala His His Arg Phe	384		
	115	120	125	
25	tat aca aag agg ctg acc ttt tgg acg tgt ttg gct gtc atc tgc atg Tyr Thr Lys Arg Leu Thr Phe Trp Thr Cys Leu Ala Val Ile Cys Met	432		
	130	135	140	
30	glg tgg act ctg tct gtc gcc atg gca ttt ccc cca gtt tta gat gta Val Trp Thr Leu Ser Val Ala Met Ala Phe Pro Pro Val Leu Asp Val	480		
	145	150	155	160
	ggc acc tac tca ttc att agg gag gag gat cag tgt acc ttc caa cac Gly Thr Tyr Ser Phe Ile Arg Glu Glu Asp Gln Cys Thr Phe Gln His	528		
35	165	170	175	
	cgc tcc ttc agg gct aac gat tcc cta gga ttt atg ctg ctc ctt gct Arg Ser Phe Arg Ala Asn Asp Ser Leu Gly Phe Met Leu Leu Ala	576		
	180	185	190	
40	ctc atc ctc cta gcc aca cag ctt gtc tac ctc aag ctg ala ttt ttt Leu Ile Leu Leu Ala Thr Gln Leu Val Tyr Leu Lys Leu Ile Phe Phe	624		
	195	200	205	
45	gtc cac gat cga agg aaa atg aag cca gtc cag ttt gta gca gca gtc Val His Asp Arg Arg Lys Met Lys Pro Val Gln Phe Val Ala Ala Val	672		
	210	215	220	
	agt cag aac tgg acc ttt cat ggc cct gga gct agt ggc cag gca gct Ser Gln Asn Trp Thr Phe His Gly Pro Gly Ala Ser Gly Gln Ala Ala	720		
50	225	230	235	240
	gcc aat tgg cta gca gga ttt gga agg ggt ccc aca cca ccc acc ttg Ala Asn Trp Leu Ala Gly Phe Gly Arg Gly Pro Thr Pro Pro Thr Leu	768		

EP 1 067 183 A1

	245	250	255			
5	cig ggc atc agg caa aat gcg aat acc aca ggc aga aga cgg ctc ttg Leu Gly Ile Arg Gln Asn Ala Asn Thr Thr Gly Arg Arg Arg Leu Leu	260	265	270	816	
10	glt ttg gat gag ttc aaa atg gag aaa aga atc agc aga atg ttc tat Val Leu Asp Glu Phe Lys Met Glu Lys Arg Ile Ser Arg Met Phe Tyr	275	280	285	864	
15	ata atg act ttc ctc ttc cta acc ttg tgg ggt ccc tac ctg gtg gcc Ile Met Thr Phe Leu Phe Leu Thr Leu Trp Gly Pro Tyr Leu Val Ala	290	295	300	912	
20	tgc tat tgg aga gtt ttt gca aga ggg cct gta gta cca ggg gga ttt Cys Tyr Trp Arg Val Phe Ala Arg Gly Pro Val Val Pro Gly Gly Phe	305	310	315	320	960
25	cta aca gcc gct gtc tgg atg agt ttc gcc caa gca gga atc aat ccc Leu Thr Ala Ala Val Trp Met Ser Phe Ala Gln Ala Gly Ile Asn Pro	325	330	335	1008	
30	ttt gtc tgc att ttc tcc aac agg gag ctg agg cgc tgt ttc agc aca Phe Val Cys Ile Phe Ser Asn Arg Glu Leu Arg Arg Cys Phe Ser Thr	340	345	350	1056	
35	acc ctt ctt tac tgc aga aaa tcc agg tta cca agg gaa cct tac tgt Thr Leu Leu Tyr Cys Arg Lys Ser Arg Leu Pro Arg Glu Pro Tyr Cys	355	360	365	1104	
40	ggt ata tga Val Ile	370			1113	
45	<210> 24 <211> 370 <212> PRT <213> Rattus sp.					
50	<400> 24 Met Ala Asn Tyr Ser His Ala Ala Asp Asn Ile Leu Gln Asn Leu Ser	1	5	10	15	
55	Pro Leu Thr Ala Phe Leu Lys Leu Thr Ser Leu Gly Phe Ile Ile Gly	20	25	30		
	Val Ser Val Val Gly Asn Leu Leu Ile Ser Ile Leu Leu Val Lys Asp	35	40	45		
	Lys Thr Leu His Arg Ala Pro Tyr Tyr Phe Leu Leu Asp Leu Cys Cys	50	55	60		
	Ser Asp Ile Leu Arg Ser Ala Ile Cys Phe Pro Phe Val Phe Asn Ser	65	70	75	80	

EP 1 067 183 A1

Val Lys Asn Gly Ser Thr Trp Thr Tyr Gly Thr Leu Thr Cys Lys Val
85 90 95

5 Ile Ala Phe Leu Gly Val Leu Ser Cys Phe His Thr Ala Phe Met Leu
100 105 110

Phe Cys Ile Ser Val Thr Arg Tyr Leu Ala Ile Ala His His Arg Phe
115 120 125

10 Tyr Thr Lys Arg Leu Thr Phe Trp Thr Cys Leu Ala Val Ile Cys Met
130 135 140

Val Trp Thr Leu Ser Val Ala Met Ala Phe Pro Pro Val Leu Asp Val
145 150 155 160

15 Gly Thr Tyr Ser Phe Ile Arg Glu Glu Asp Gln Cys Thr Phe Gln His
165 170 175

Arg Ser Phe Arg Ala Asn Asp Ser Leu Gly Phe Met Leu Leu Leu Ala
180 185 190

20 Leu Ile Leu Leu Ala Thr Gln Leu Val Tyr Leu Lys Leu Ile Phe Phe
195 200 205

Val His Asp Arg Arg Lys Met Lys Pro Val Gln Phe Val Ala Ala Val
210 215 220

25 Ser Gln Asn Trp Thr Phe His Gly Pro Gly Ala Ser Gly Gln Ala Ala
225 230 235 240

Ala Asn Trp Leu Ala Gly Phe Gly Arg Gly Pro Thr Pro Pro Thr Leu
245 250 255

30 Leu Gly Ile Arg Gln Asn Ala Asn Thr Thr Gly Arg Arg Arg Leu Leu
260 265 270

35 Val Leu Asp Glu Phe Lys Met Glu Lys Arg Ile Ser Arg Met Phe Tyr
275 280 285

Ile Met Thr Phe Leu Phe Leu Thr Leu Trp Gly Pro Tyr Leu Val Ala
290 295 300

40 Cys Tyr Trp Arg Val Phe Ala Arg Gly Pro Val Val Pro Gly Gly Phe
305 310 315 320

Leu Thr Ala Ala Val Trp Met Ser Phe Ala Gln Ala Gly Ile Asn Pro
325 330 335

45 Phe Val Cys Ile Phe Ser Asn Arg Glu Leu Arg Arg Cys Phe Ser Thr
340 345 350

Thr Leu Leu Tyr Cys Arg Lys Ser Arg Leu Pro Arg Glu Pro Tyr Cys
355 360 365

50 Val Ile
370

55

EP 1 067 183 A1

<210> 25
 <211> 1122
 <212> DNA
 <213> Rat coronavirus

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1119)
 <223> Rat SREB3

<400> 25
 atg gcc aac acc acc gga gag ccc gaa gag gtg agc ggc gca ctg tcc 48
 Met Ala Asn Thr Thr Gly Glu Pro Glu Glu Val Ser Gly Ala Leu Ser
 1 5 10 15

ctg cca tca gca tgc gct tat gtg aag ctg gtg ctg ctg gga ctg atc 96
 Leu Pro Ser Ala Ser Ala Tyr Val Lys Leu Val Leu Leu Gly Leu Ile
 20 25 30

atg tgt gta agc ctg gca ggc aat gcc atc ttt tcc ctg ctg gtg ctc 144
 Met Cys Val Ser Leu Ala Gly Asn Ala Ile Leu Ser Leu Leu Val Leu
 35 40 45

aag gag cgt gcc ctg cac aag gct cct tac tac ttt ctg ctg gac ctg 192
 Lys Glu Arg Ala Leu His Lys Ala Pro Tyr Tyr Phe Leu Leu Asp Leu
 50 55 60

tgc cta gcc gat ggc ata cgc tct gcc atc tgc ttc ccc ttt gta ctg 240
 Cys Leu Ala Asp Gly Ile Arg Ser Ala Ile Cys Phe Pro Phe Val Leu
 65 70 75 80

gct tct gtg cgc cat ggc tcc tgc tgg acc ttc agt gca ctc agc tgt 288
 Ala Ser Val Arg His Gly Ser Ser Trp Thr Phe Ser Ala Leu Ser Cys
 85 90 95

aag att gtg gcc ttt atg gct gtg ctc ttt tgc ttc cat gcg gcc ttc 336
 Lys Ile Val Ala Phe Met Ala Val Leu Phe Cys Phe His Ala Ala Phe
 100 105 110

atg ctg ttc tgc atc agc gtc acc cgc tac atg gcc atc gcc cac cac 384
 Met Leu Phe Cys Ile Ser Val Thr Arg Tyr Met Ala Ile Ala His His
 115 120 125

cgc ttc tat gcc aag cgc atg aca ctc tgg aca tgc gca gct gtc atc 432
 Arg Phe Tyr Ala Lys Arg Met Thr Leu Trp Thr Cys Ala Ala Val Ile
 130 135 140

tgc atg gcc tgg acc ttg tct gtg gcc atg gct ttc cca cct gtc ttt 480
 Cys Met Ala Trp Thr Leu Ser Val Ala Met Ala Phe Pro Pro Val Phe
 145 150 155 160

gat gtg ggc acc tac aag ttt atc cga gag gag gac cag tgc atc ttt 528
 Asp Val Gly Thr Tyr Lys Phe Ile Arg Glu Glu Asp Gln Cys Ile Phe
 165 170 175

EP 1 067 183 A1

5 gag cat cgc tac ttc aaa gca aat gac act ctg ggc ttt atg ctt atg 576
 Glu His Arg Tyr Phe Lys Ala Asn Asp Thr Leu Gly Phe Met Leu Met
 180 185 190

10 ttg gct gtg ctc atg gca gcc aca cat gct gtc tat ggc aag ctg cta 624
 Leu Ala Val Leu Met Ala Ala Thr His Ala Val Tyr Gly Lys Leu Leu
 195 200 205

15 ctc ttc gag tat cgt cac cgc aag atg aag cca gtg cag atg gtg ccc 672
 Leu Phe Glu Tyr Arg His Arg Lys Met Lys Pro Val Gln Met Val Pro
 210 215 220

20 gcc atc agc caa aac tgg aca ttc cat ggc cct ggg gct acc ggc cag 720
 Ala Ile Ser Gln Asn Trp Thr Phe His Gly Pro Gly Ala Thr Gly Gln
 225 230 235 240

25 gct gct gcc aac tgg atc gct ggc ttt ggc cgt ggg ccc atg cca cca 768
 Ala Ala Ala Asn Trp Ile Ala Gly Phe Gly Arg Gly Pro Met Pro Pro
 245 250 255

30 act ctg ctg ggt atc cgg cag aat ggg cat gca gct agc cgg cgg cta 816
 Thr Leu Leu Gly Ile Arg Gln Asn Gly His Ala Ala Ser Arg Arg Leu
 260 265 270

35 ctg ggc atg gac gag gtc aag ggt gaa aag cag ctg ggc cga atg ttc 864
 Leu Gly Met Asp Glu Val Lys Gly Glu Lys Gln Leu Gly Arg Met Phe
 275 280 285

40 tac gcg att aca ctg ctc ttc ctg ctc ctc tgg tca cca tac att gtg 912
 Tyr Ala Ile Thr Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Ser Pro Tyr Ile Val
 290 295 300

45 gcc tgc tac tgg cga gtg ttt gtg aaa gcc tgc gct gtg ccc cac cgc 960
 Ala Cys Tyr Trp Arg Val Phe Val Lys Ala Cys Ala Val Pro His Arg
 305 310 315 320

50 tac ctg gcc act gct gtt tgg atg agc ttc gcc cag gct gct gtc aac 1008
 Tyr Leu Ala Thr Ala Val Trp Met Ser Phe Ala Gln Ala Ala Val Asn
 325 330 335

55 cca atc gtc tgc ttc ctg ctt aac aag gac ctc aag aag tgc ctg agg 1056
 Pro Ile Val Cys Phe Leu Leu Asn Lys Asp Leu Lys Lys Cys Leu Arg
 340 345 350

act cat gcc cct tgc tgg ggc aca gga ggt gcc cca gct ccc aga gaa 1104
 Thr His Ala Pro Cys Trp Gly Thr Gly Gly Ala Pro Ala Pro Arg Glu
 355 360 365

ccc tac tgt gtc atg tga 1122
 Pro Tyr Cys Val Met
 370

<210> 26
 <211> 373

EP 1 067 183 A1

<212> PRT

<213> Rat coronavirus

<400> 26

Met Ala Asn Thr Thr Gly Glu Pro Glu Glu Val Ser Gly Ala Leu Ser

1 5 10 15

Leu Pro Ser Ala Ser Ala Tyr Val Lys Leu Val Leu Leu Gly Leu Ile

20 25 30

Met Cys Val Ser Leu Ala Gly Asn Ala Ile Leu Ser Leu Leu Val Leu

35 40 45

Lys Glu Arg Ala Leu His Lys Ala Pro Tyr Tyr Phe Leu Leu Asp Leu

50 55 60

Cys Leu Ala Asp Gly Ile Arg Ser Ala Ile Cys Phe Pro Phe Val Leu

65 70 75 80

Ala Ser Val Arg His Gly Ser Ser Trp Thr Phe Ser Ala Leu Ser Cys

85 90 95

Lys Ile Val Ala Phe Met Ala Val Leu Phe Cys Phe His Ala Ala Phe

100 105 110

Met Leu Phe Cys Ile Ser Val Thr Arg Tyr Met Ala Ile Ala His His

115 120 125

Arg Phe Tyr Ala Lys Arg Met Thr Leu Trp Thr Cys Ala Ala Val Ile

130 135 140

Cys Met Ala Trp Thr Leu Ser Val Ala Met Ala Phe Pro Pro Val Phe

145 150 155 160

Asp Val Gly Thr Tyr Lys Phe Ile Arg Glu Glu Asp Gln Cys Ile Phe

165 170 175

Glu His Arg Tyr Phe Lys Ala Asn Asp Thr Leu Gly Phe Met Leu Met

180 185 190

Leu Ala Val Leu Met Ala Ala Thr His Ala Val Tyr Gly Lys Leu Leu

195 200 205

Leu Phe Glu Tyr Arg His Arg Lys Met Lys Pro Val Gln Met Val Pro

210 215 220

Ala Ile Ser Gln Asn Trp Thr Phe His Gly Pro Gly Ala Thr Gly Gln

225 230 235 240

Ala Ala Ala Asn Trp Ile Ala Gly Phe Gly Arg Gly Pro Met Pro Pro

245 250 255

Thr Leu Leu Gly Ile Arg Gln Asn Gly His Ala Ala Ser Arg Arg Leu

260 265 270

Leu Gly Met Asp Glu Val Lys Gly Glu Lys Gln Leu Gly Arg Met Phe

55

275

280

285

5 Tyr Ala Ile Thr Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Ser Pro Tyr Ile Val
290 295 300

Ala Cys Tyr Trp Arg Val Phe Val Lys Ala Cys Ala Val Pro His Arg
305 310 315 320

10 Tyr Leu Ala Thr Ala Val Trp Met Ser Phe Ala Gln Ala Ala Val Asn
325 330 335

Pro Ile Val Cys Phe Leu Leu Asn Lys Asp Leu Lys Lys Cys Leu Arg
340 345 350

15 Thr His Ala Pro Cys Trp Gly Thr Gly Gly Ala Pro Ala Pro Arg Glu
355 360 365

20 Pro Tyr Cys Val Met
370

25

Claims

1. A G protein-coupled receptor protein which has the amino acid sequence described in Sequence No. 2, 4, 6, 22 or 26, or a G protein-coupled receptor protein as an equivalent to said protein.
2. A G protein-coupled receptor protein which has the amino acid sequence described in Sequence No. 2, 4, 6, 22 or 26.
3. A gene which has a nucleotide sequence coding for the G protein-coupled receptor protein described in claim 1.
4. A vector which contains the gene described in claim 3.
5. A host cell which contains the vector described in claim 4.
6. A method for producing the G protein-coupled receptor protein described in claim 1 or 2, or a G protein-coupled receptor protein as an equivalent to said protein, which comprises using the host cell described in claim 5.
7. A method for screening a medicament acting on the G protein-coupled receptor protein described in claim 1 or 2, which comprises allowing said G protein-coupled receptor protein to contact with a compound to be tested.
8. An antibody or a fragment thereof for the G protein-coupled receptor protein described in claim 1 or 2 or a partial peptide thereof.

50

55

FIG. 1

SEQ 1 **MANA**SEPGGSGG**GEAAALG**---**LRLATLSL**LL**CVSTAGN** 36
 SEQ 2 **MANYS**HAADNILON**LSP**---**LTAF**LKLTSLGFI**IGVSVVGN** 38
 SEQ 3 **MAN**TTGEPEEVS**GALSP**PSAS**AYVRLV**LG**LI**MC**VS**LAGN 40

SEQ 1 **VL**FALL**IV**RERS**LHR**APYY**LL**DDLCLADGLRAL**AC**LEAVM 76
 SEQ 2 **LL**ISIL**L**VKD**KT**LHRAPYY**FL**DLCCSD**IL**RS**AI**CFPFV 78
 SEQ 3 **AIL**SEL**VL**KER**ALH**KAPYY**FL**DLCLADG**IR**SA**VC**FPFVL 80

SEQ 1 **LA**AR**RA**AAAA**G**APP**GAL**GCK**LL**AFLAA**LF**CFHAA**FL**LLGV 116
 SEQ 2 **NS**VKNG**ST**WTY---**GT**LTCK**VIA**FLGV**LS**CF**HT**AF**ML**FCI 115
 SEQ 3 **A**SVRHGS**SW**TF---**SAL**SK**IV**AFMAV**LF**CFHAA**FM**LECI 117

SEQ 1 **G**VTRYLAIAHHRFYAER**LAG**MP**CA**AML**V**CAAW**AL**ALAAAF 156
 SEQ 2 **SV**TRYLAIAHHRFY**TK**R**LT**FW**TCL**AV-**ICH**V**WT**LSVAMAF 154
 SEQ 3 **SV**TRYMAIAHHRFYAK**MT**L**WT**CAAV-**ICH**AW**WT**LSVAMAF 156

SEQ 1 **PP**VL**D**GGG---**DD**EDAP**CA**LE**QR**PD**GAP**G**AL**G**FL**LL**LL**AVV 193
 SEQ 2 **PP**VL**D**VGTYS**F**IREED**QC**TE**QH**RS**FR**AND**SL**G**FM**LL**LI** 194
 SEQ 3 **PP**V**F**DVGT**YK**FIREED**QC**IF**EH**RY**EK**AND**TL**G**FM**LM**LA**VL 196

SEQ 1 **V**GATHLVYL**RL**LLFF**I**HDRRK**HR**PAR**L**VPAV**SH**D**WT**FHGPG 233
 SEQ 2 **LL**AT**OL**VYL**KL**IFF**V**HDRRK**HK**PV**QF**VAAV**SON**W**TF**HGPG 234
 SEQ 3 **MA**ATHAVY**GK**LL**LF**EYRER**RK**RPV**OM**VPA**ISON**W**TF**HGPG 236

SEQ 1 **AT**GQAAAN**WT**AG**FG**RG**PT**PP**AL**V**GIR**PAG**PG**R**GAR**RL**LV**L 273
 SEQ 2 **AS**GQAAAN**WL**AG**FG**RG**PT**PP**TLL**G**IR**ON**ANT**T**CR**RL**LV**L 274
 SEQ 3 **AT**GQAAAN**WI**AG**FG**RG**CP**MP**PTLL**G**IR**ONG**HA**AS**RR**-**LL**GM 275

SEQ 1 **EE**FK**TE**KRL**CK**MFYA**V**TLL**FL**LL**WG**PY**V**VAS**YL**RV**LV**RP**G** 313
 SEQ 2 **DE**FK**ME**KR**IS**RMFY**IM**T**FL**FL**TL**WG**PY**L**VAC**YWR**V**F**AR**GP 314
 SEQ 3 **DE**V**R**G**EN**QL**GR**MFYA**IT**LL**FL**LL**WS**PY**IV**AC**Y**WR**V**F**V**KAC 315

SEQ 1 **AV**FQAY**LT**AS**V**ULT**FA**QAGINE**V**UCE**LF**NR**EL**R**DC**FR**AQ**F 353
 SEQ 2 **V**VEGG**EL**TA**AV**W**HS**FAQAGINE**F**VC**IF**SN**RE**LR**RC**EST**TL** 354
 SEQ 3 **AV**PHRY**LT**ATA**AV**W**HS**FAQ**AV**NE**IV**CE**LL**N**KD**L**KK**CL**RT**HA 355

SEQ 1 **EC**CQSPRT**TQ**AT**HP**---**CD**LKGIGL 376
 SEQ 2 **LY**CRKS---**RL**PREPYC-----**VI** 371
 SEQ 3 **E**-**C**WG**TG**GAP**AP**REPYC-----**VM** 374

FIG. 2

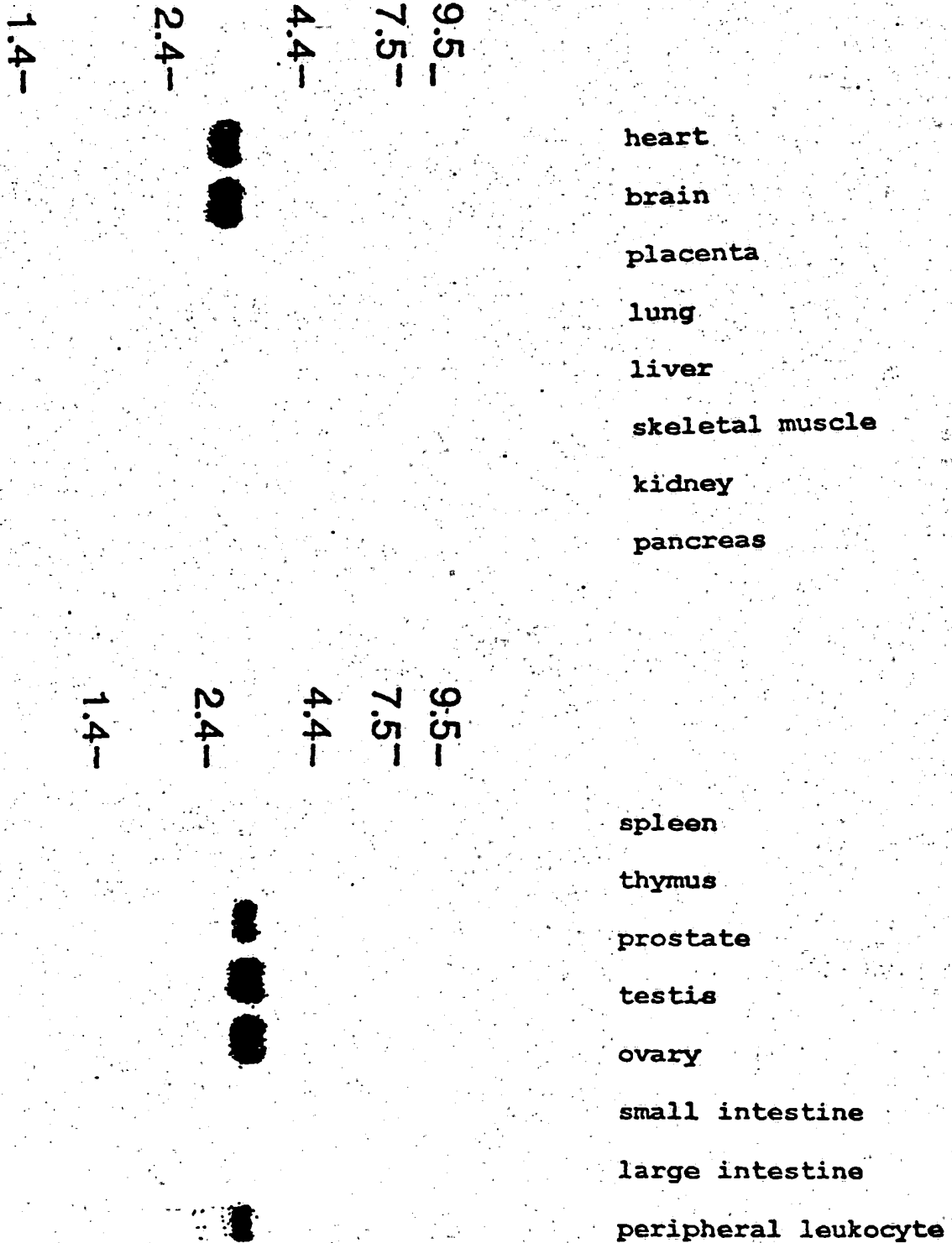


FIG. 3

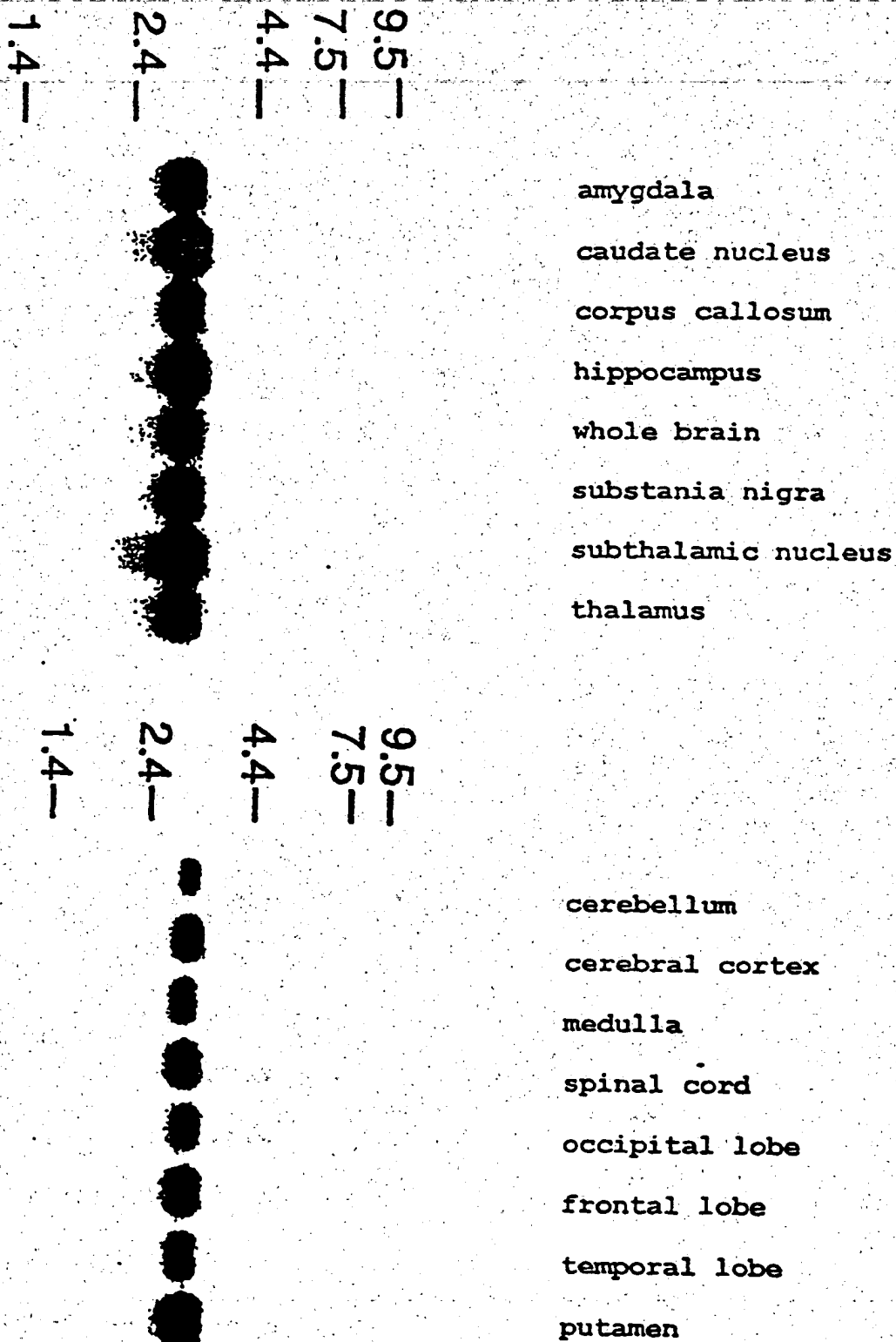


FIG. 4

1.4-

2.4-

4.4-

7.5-

9.5-



heart

brain

placenta

lung

liver

skeletal muscle

kidney

pancreas

1.4-

2.4-

4.4-

7.5-

9.5-



spleen

thymus

prostate

testis

ovary

small intestine

large intestine

peripheral leukocyte

FIG. 5

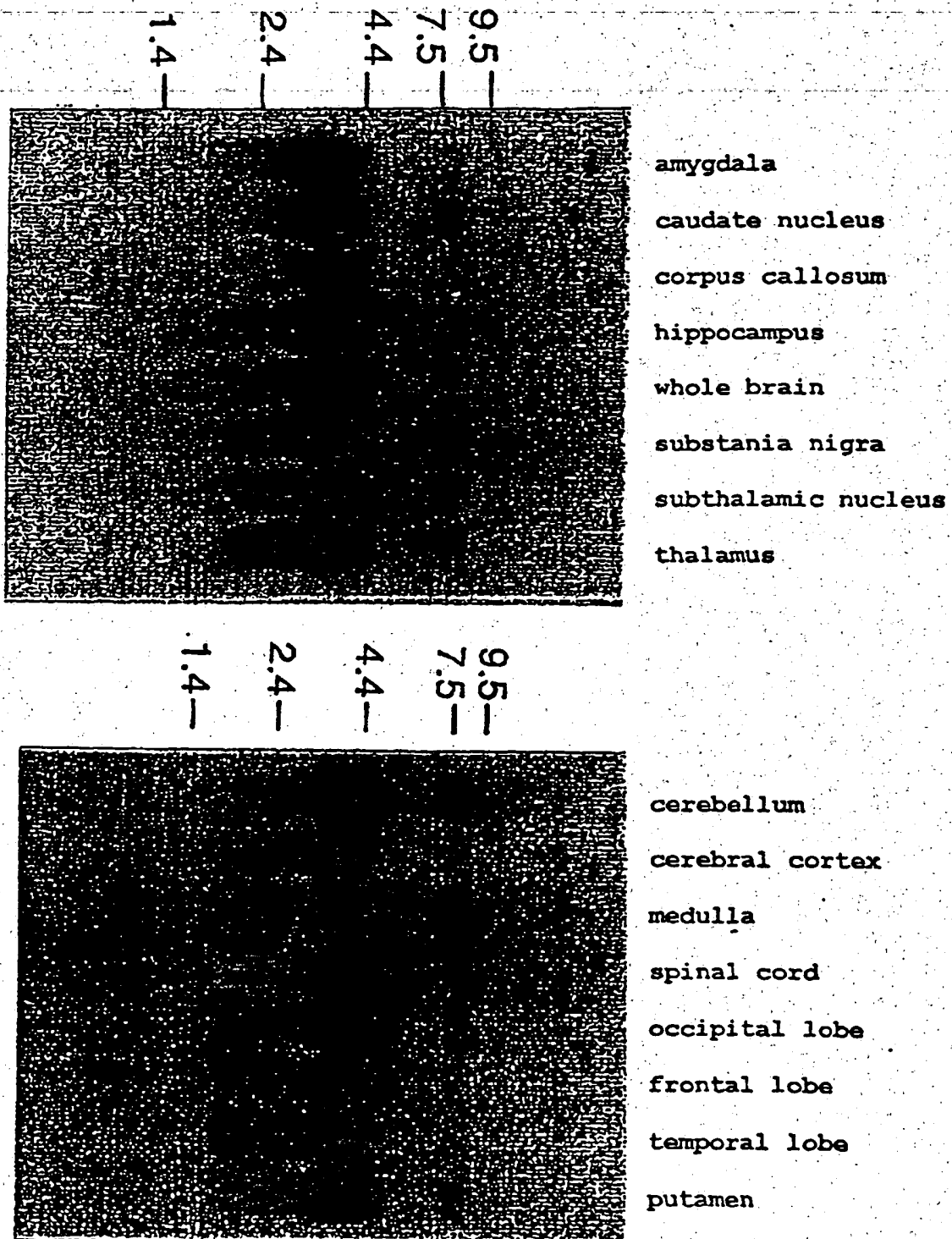


FIG. 6

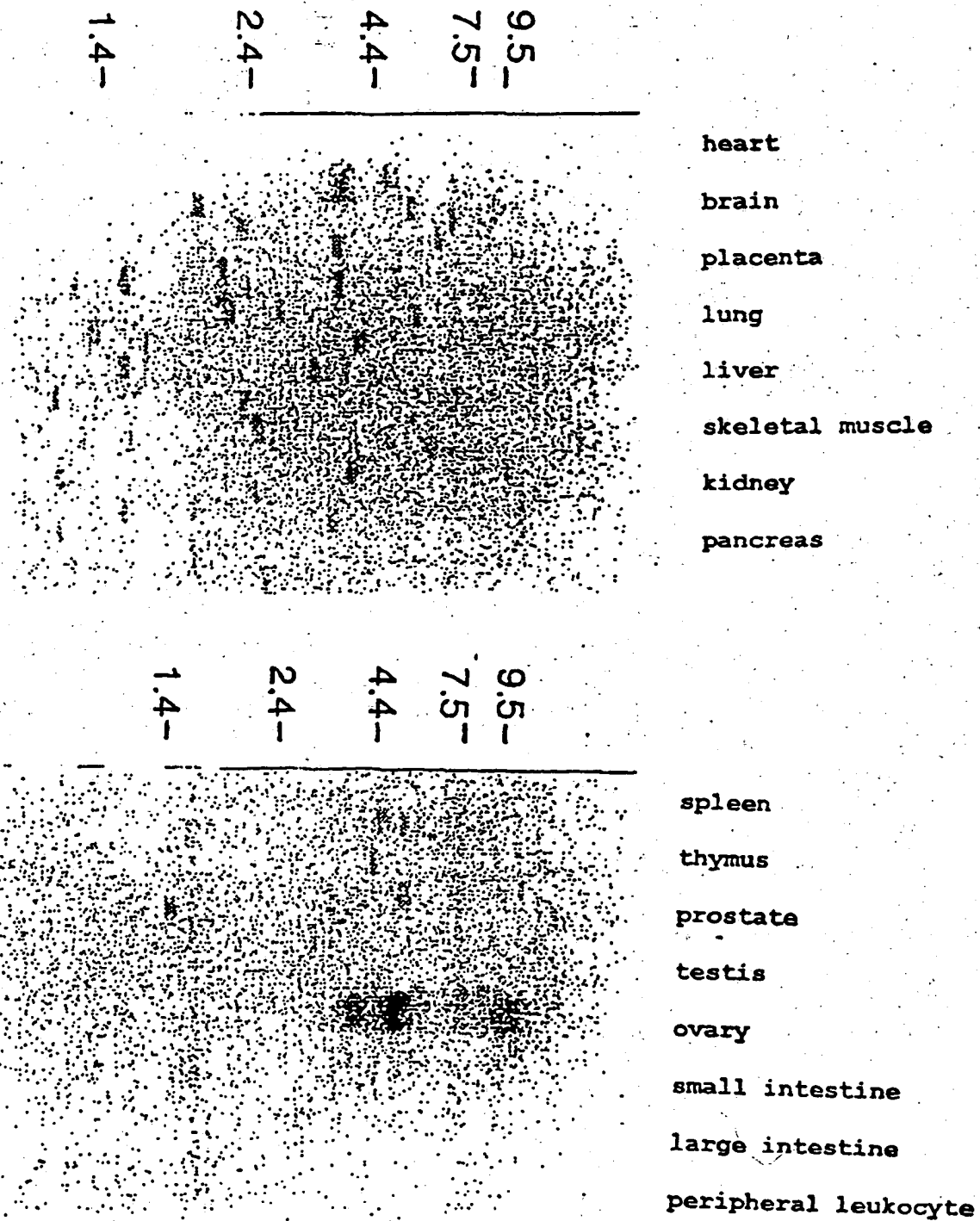


FIG. 7

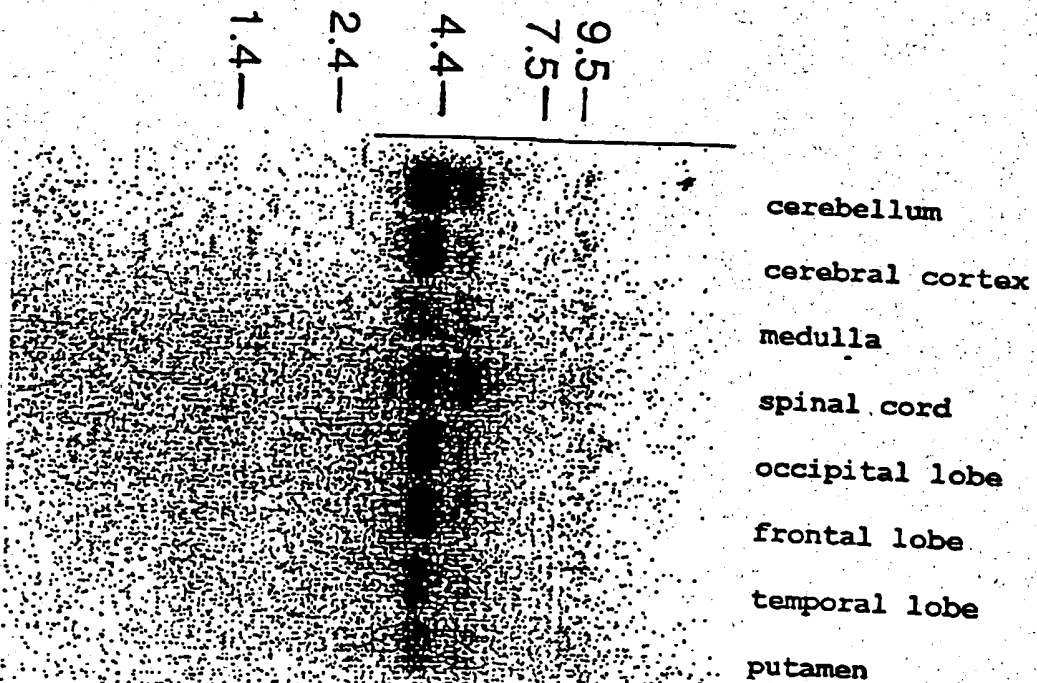
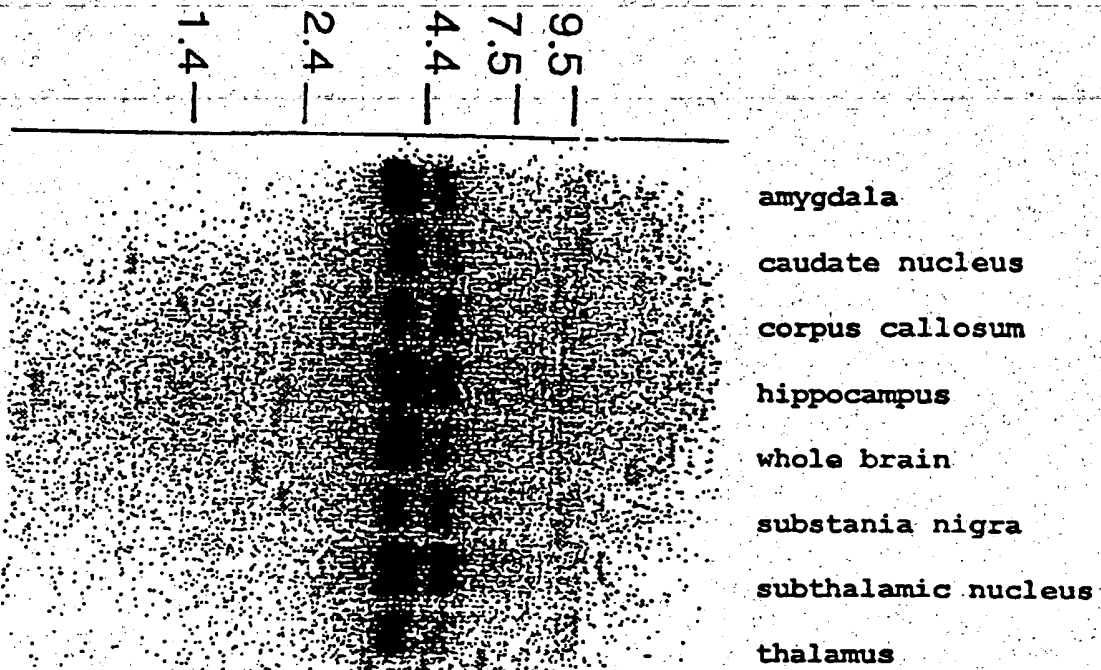


FIG. 8

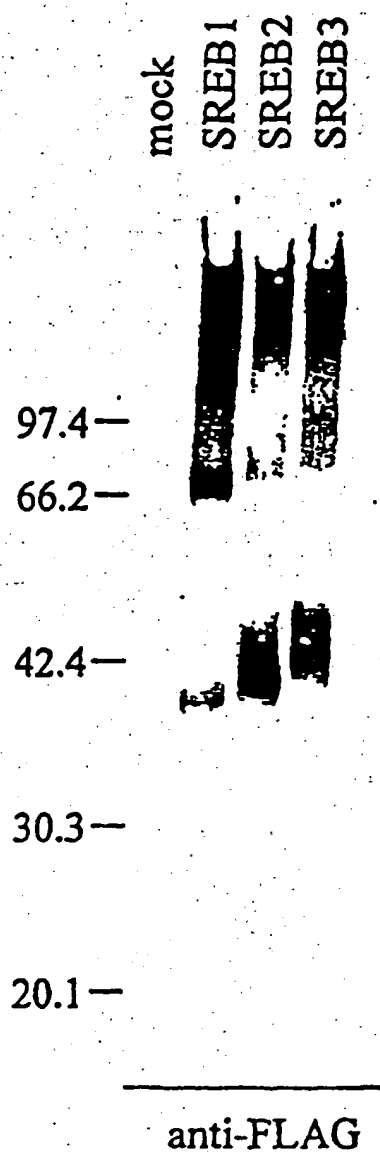


FIG. 9

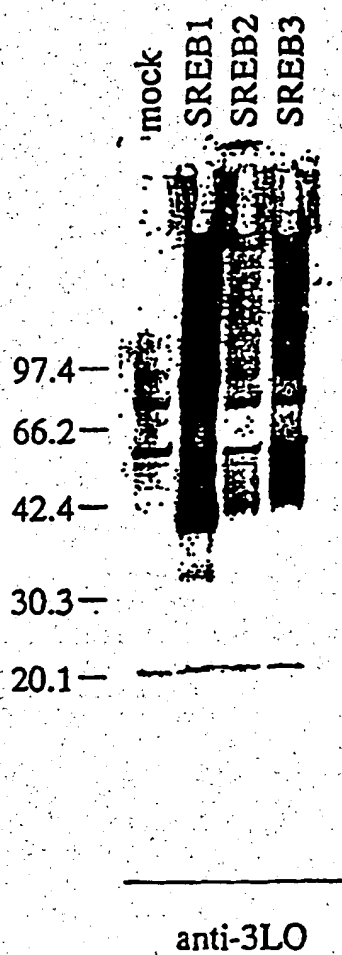


FIG. 10

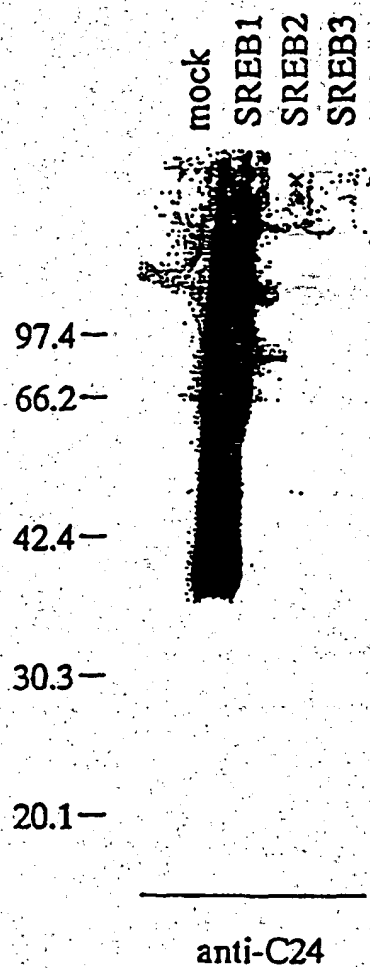


FIG. 11

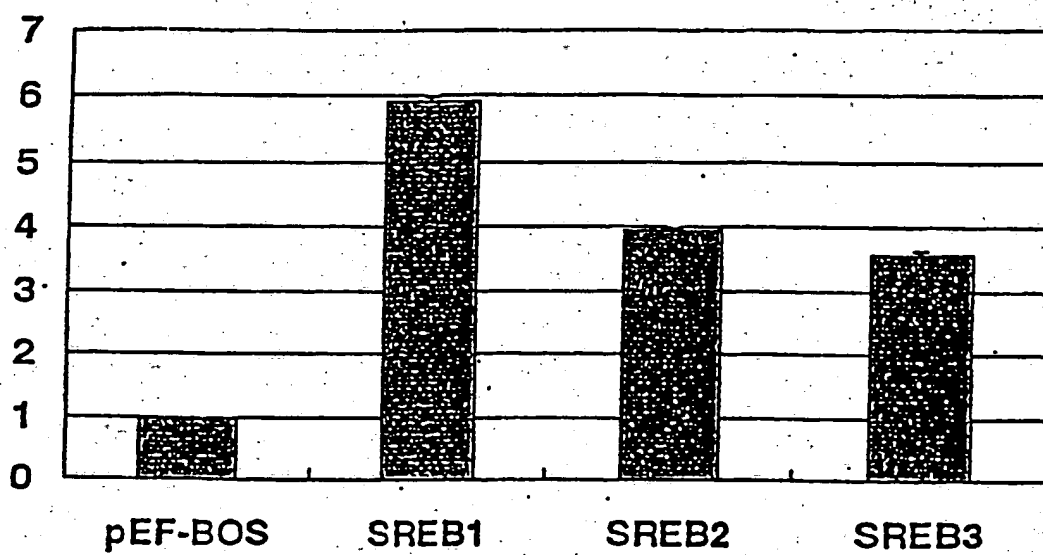
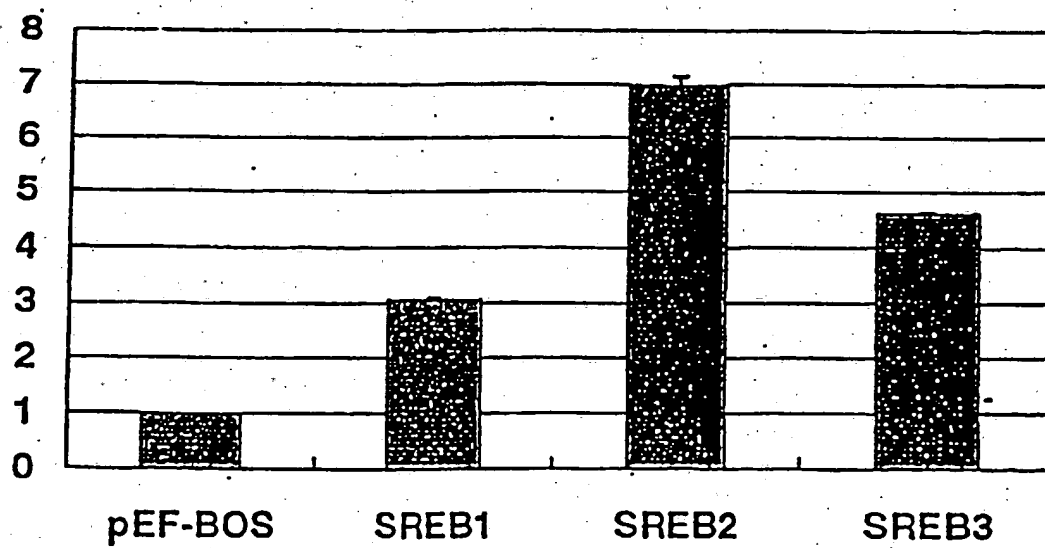


FIG. 12



INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP99/01191

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER Int.Cl ⁶ C12N15/12, C07K14/705, C12P21/02, C07K16/28		
According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC		
B. FIELDS SEARCHED Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols) Int.Cl ⁶ C12N15/12, C07K14/705, C12P21/02, C07K16/28		
Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched		
Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used) Genbank/EMBL/DBJ/GenSeq		
C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	US, 5508384, A (Univ. New York State), 16 April, 1996 (16. 04. 96) (Family: none)	1-8
A	The Journal of Neuroscience Vol. 16 No. 12 (1996) Guoping Feng et al., "Cloning and functional characterization of a novel Dopamine receptor from <i>Drosophila melanogaster</i> " p.3925-3933	1-8
A	FEBS Letters Vol. 355 No. 3 (1994) Stephen Rees et al., "Cloning and characterisation of the human 5-HT _{1A} serotonin receptor" p.242-246	1-8
<input type="checkbox"/> Further documents are listed in the continuation of Box C. <input type="checkbox"/> See patent family annex.		
* Special categories of cited documents: "A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance "E" earlier document but published on or after the international filing date "L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified) "O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means "P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed "T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention "X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone "Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art "&" document member of the same patent family		
Date of the actual completion of the international search 15 Jun , 1999 (15. 06. 99)		Date of mailing of the international search report 22 June, 1999 (22. 06. 99)
Name and mailing address of the ISA/ Japanese Patent Office		Authorized officer
Facsimile No.		Telephone No.